

[illegible]

Db	1201	CAATTATCACTTAACCTTCATCTCAACATCTTCTCACTTCTGGATCTGGATCTGGGCAAGCTGA	1260
Qy	1598	TTTGTGTGGAGCAGAAGATTTTCTGATGGGATTAATGAGAGTTTCATTACCTGATAGATTTTCA	1657
Db	1261	TTTGTGTGGAGCAGAAGATTTTCTGATGGGATTAATGAGAGTTTCATTACCTGATAGATTTTCA	1320
Qy	1658	CTTTTCCATTCGTGAATTCAGAAAGAAACCTATTCATGCCCCGATATTCATCATATGATATCA	1717
Db	1321	CTTTTCCATTCGTGAATTCAGAAAGAAACCTATTCATGCCCCGATATTCATCATATGATATCA	1380
Qy	1718	CCAGGTCAATCTGTTCGAGATTTTATTTAGAAATGGTGAAGAACTTGSGGTGATGATGTG	1777
Db	1381	CCAGGTCAATCTGTTCGAGATTTTATTTAGAAATGGTGAAGAACTTGSGGTGATGATGTG	1440
Qy	1778	ACTGTGCTACTGATTCGGAATGGAATGTAATGTTGGCCAAAGCATTTGATATTCATCTTTA	1837
Db	1441	ACTGTGCTACTGATTCGGAATGGAATGTAATGTTGGCCAAAGCATTTGATATTCATCTTTA	1500
Qy	1838	ACTGCTGAAGATATTCGATATGCAAGAAACCTGTCGAAAAAGTTGAATTAATTTAAAAAGTTAT	1897
Db	1501	ACTGCTGAAGATATTCGATATGCAAGAAACCTGTCGAAAAAGTTGAATTAATTTAAAAAGTTAT	1560
Qy	1898	TATTTTGGTTGGTCCATACCTTTTGAAGCTGATAAAGATCTGGAAGATTAATTTGAACCG	1957
Db	1561	TATTTTGGTTGGTCCATACCTTTTGAAGCTGATAAAGATCTGGAAGATTAATTTGAACCG	1620
Qy	1958	ATTAATGTTTATATGTGTGTTTTCCATGATGATATTAACGTTCCATTTTTTCCACCAAT	2017
Db	1621	ATTAATGTTTATATGTGTGTTTTCCATGATGATATTAACGTTCCATTTTTTCCACCAAT	1680
Qy	2018	TCTCATCCAGCAATGTTTGAAGAAAGAGTTGCTCATATTTGAGAGATTAATGTCGATGTTAGT	2077
Db	1681	TCTCATCCAGCAATGTTTGAAGAAAGAGTTGCTCATATTTGAGAGATTAATGTCGATGTTAGT	1740
Qy	2078	GCTGATGTTGTTATGTTATGCTTTAATGATGATGAATTAACGATGGTTTTGGCCCCGCTGAT	2137
Db	1741	GCTGATGTTGTTATGTTATGCTTTAATGATGATGAATTAACGATGGTTTTGGCCCCGCTGAT	1800
Qy	2138	CATGGAATTTGAATATGAAAGCTGATGTCATTTGAAGATGCGGTTTTCACTGCTAGAGATCT	2197
Db	1801	CATGGAATTTGAATATGAAAGCTGATGTCATTTGAAGATGCGGTTTTCACTGCTAGAGATCT	1860
Qy	2198	GATTTTATGATGATGTTACAAAGAAATGGTGATTCAGAGAAAGATCATGACTTTAATG	2257
Db	1861	GATTTTATGATGATGTTACAAAGAAATGGTGATTCAGAGAAAGATCATGACTTTAATG	1920
Qy	2258	AGATTTATATAGGTAAAGCTGATGTCATTAATATGTTTGTATAAATGTCAGAGAAAG	2317
Db	1921	AGATTTATATAGGTAAAGCTGATGTCATTAATATGTTTGTATAAATGTCAGAGAAAG	1980
Qy	2318	GCTAATTCCTTCCTGCGTTATTTATCAAGTCGATATATACTTACAAACAACAACAACAG	2377
Db	1981	GCTAATTCCTTCCTGCGTTATTTATCAAGTCGATATATACTTACAAACAACAACAACAG	2040
Qy	2378	GCCCCACCAACCAACCTTAATCCTATATTAATCCTTCAACCAATTAATCAACTTTGAATCTT	2437
Db	2041	GCCCCACCAACCAACCTTAATCCTATATTAATCCTTCAACCAATTAATCAACTTTGAATCTT	2100
Qy	2438	AATAGTTTGAAGATTCATCACTGTGTGAGAGATAGAGATAGAGAAATTAATTTTGTGCC	2497
Db	2101	AATAGTTTGAAGATTCATCACTGTGTGAGAGATAGAGATAGAGAAATTAATTTTGTGCC	2160
Qy	2498	AATCAACCTGGAATAATATACTAATATCTAATATCTACTGTGTCACCTTCAACAACCT	2557
Db	2161	AATCAACCTGGAATAATATACTAATATCTAATATCTACTGTGTCACCTTCAACAACCT	2220
Qy	2558	CAACAACAACAACAATGATGATCACTAACAATCTTTCCCAATCCCGATGACGTCACA	2617
Db	2221	CAACAACAACAACAATGATGATCACTAACAATCTTTCCCAATCCCGATGACGTCACA	2280
Qy	2618	AGAGCTGATATTTGATTAATTTATTTAGGTGATATTCAGATCATATATATCAACATGTTTCAA	2677
Db	2281	AGAGCTGATATTTGATTAATTTATTTAGGTGATATTCAGATCATATATATCAACATGTTTCAA	2340

Qy	2678	AATTATATAGCCTATGAAATAATTTTCAGTGGTCAACATTCAAATTTATTAGCTCAATTA	2737
Db	2341	AATTATATAGCCTATGAAATAATTTTCAGTGGTCAACATTCAAATTTATTAGCTCAATTA	2400
Qy	2738	CAAGTTGAATCATTCCAATTCGAATATATAAAATCAACGGAATGTTTCTAAATAATTAAGTTTG	2797
Db	2401	CAAGTTGAATCATTCCAATTCGAATATATAAAATCAACGGAATGTTTCTAAATAATTAAGTTTG	2460
Qy	2798	ATTGGGAACAATAGTAGTCCATTTAAATTTAATCAACGGAACTTTTGTGATGCAATAGTAA	2857
Db	2461	ATTGGGAACAATAGTAGTCCATTTAAATTTAATTAATCAACGGAACTTTTGTGATGCAATAGTAA	2520
Qy	2858	GTCCCTGTGAAAGGTGTACCAATTTAGTGTGTTTTCGGAATGTGTGAGATTTATA	2917
Db	2521	GTCCCTGTGAAAGGTGTACCAATTTAGTGTGTTTTCGGAATGTGTGAGATTTATA	2580
Qy	2918	TTTATTAATTAATTTGATCATTTATATTTTGTCTCAATGTGTGTGAAAAATGATTAATTTCA	2977
Db	2581	TTTATTAATTAATTTGATCATTTATATTTTGTCTCAATGTGTGTGAAAAATGATTAATTTCA	2640
Qy	2978	ATTGAAGGACAAAATTAATGTATATCGAACCAATTTTATCATTCATCATCAAGAGATCAATT	3037
Db	2641	ATTGAAGGACAAAATTAATGTATATCGAACCAATTTTATCATTCATCATCAAGAGATCAATT	2700
Qy	3038	AGAAATTAGGTTTAAAAAAAATCATGTGTATATAATCAATTAATTAAGTTTCCCAATAAA	3097
Db	2701	AGAAATTAGGTTTAAAAAAAATCATGTGTATATAATCAATTAATTAAGTTTCCCAATAAA	2760
Qy	3098	TATGAATTA 3106	
Db	2761	TATGAATTA 2769	

RESULT 2

```

US-10-128-714-2563
: Sequence 2563, Application US/10128714
: Publication No. US20030119013A1
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Jiang, Bo
: APPLICANT: Hu, Wengqi
: APPLICANT: Tishkoff, Daniel
: APPLICANT: Zamudio, Carlos
: APPLICANT: Eroskin, Alexey M
: APPLICANT: Lemieux, Sebastien M
: TITLE OF INVENTION: Identification of Essential Genes in Aspergillus fumigatus and
: TITLE OF INVENTION: Methods of Use
: FILE REFERENCE: 10182-018-999
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/128-714
: CURRENT FILING DATE: 2002-04-23
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/285,697
: PRIOR FILING DATE: 2001-04-23
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/287,066
: PRIOR FILING DATE: 2001-04-27
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/295,890
: PRIOR FILING DATE: 2001-06-05
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/303,899
: PRIOR FILING DATE: 2001-07-09
: PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/316,362
: PRIOR FILING DATE: 2001-08-31
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 8603
: SOFTWARE: PatentIn version 3.1
: SEQ ID NO 2563
: LENGTH: 1992
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Aspergillus fumigatus
US-10-128-714-2563

```

Query Match	5.1%	Score 179.6	DB 15	Length 1992
Beet Local Similarity	56.6%	Pred. No. 3e-20		
Matches 376	Conservative 0	Mismatches 279	Indels 9	Gaps 2

1559 TTTTTCATTTCGATACAGAGAAATATTCATGCCCCGATTTTCATTCATTAGATAC 1718

Db	959	TTTTCTCATCCGAGTCCAGACACTGCGCATGCGGCGGAACTGGGGACCTTGCTGCC	1018
QY	1719	CAGGTCAATCTGTTCCGAGATTATTTAGAAATGC-----TGAAGAACTTGGTGGTAG	1772
Db	1019	CTGGTGATACCTTCCGGGATCTCTTTCAACTGACC CGGAGGGAGGTGTGGTGGCTTGG	1078
QY	1773	ATTGTACTGTCGCTACTGATTCGGAAATGAAAAATGTTGSCCAAGACATTTGGTAATCATC	1832
Db	1079	ACGTAATCAATCCACACAGAGAGAAAGTGTCTGCACCTCTCGCGGSCATTTTCCATCATC	1138
QY	1833	CTTTAACTGCTGAAGATATTCGAAATGCAGAAACTGTGTAAGAAAGTTGAATTAATTAA	1892
Db	1139	CACGTACATACGGAAGATATCTTGACTCAAGAAAGCCGGTGAAGAAAGTGCAGCTTTTCAAGC	1198
QY	1893	GTTATTAATTTTGTGTTGTTCCATACTTT--TGAAGCTGATAAAGAACTGTGAAGTATT	1949
Db	1199	AATATTAATCTTGTGCTGCTCCGACATTTCACTGCTCGACAAACAGACGAAACGCTTCA	1258
QY	1950	TAGAACGATTAATGTTTATATGTTGGTTTCCATGATGTAATTAAGTTTCAATTTT	2009
Db	1259	TGAGACCCGCTCACTTCACTAGTGTTGTTTCCGACGAGTGCTCTCATATTCATTCA	1318
QY	2010	CACCAATTTCTCATCCAGCAAAATGTAGAGAGAGTTCGTCMAATTGAGATTATGTGC	2069
Db	1319	CCGAGAAATCCACACGCGGCAAAATGCAGGAAGAAATGGGAAGCTTCGTATTATGTGT	1378
QY	2070	ATGTTAGTGCATGATTTGGTATGTATGCTTAAATCGATGAAATTAACGATGCTTTTGCC	2129
Db	1379	CCCTCAGTAGAGCATGTGATCTGTATATGCCAAGATTGACGAACTGTGTGATGTGTTGGGC	1438
QY	2130	CCGTAATTCATGGAATGGAATATGATAGAGGTGATGCAATTGAAGATGCGGTTTCACTGCTA	2189
Db	1439	CTGTGCATCCGAGAAATGTGAGATCGAATCTGAGGCAATTTGAGGACCTCGTTTCAATCGCGC	1498
QY	2190	GAGATACTGATTTTAGTAGTAGTATTCACAAAGAAATTTGTGAATCAAGAAAGAAAGTCATGA	2249
Db	1499	GCGTCGACGATTTTGAATCTTCTTACCGCGCAATCGGTGGCCTTCGTAAAGAAAGTCAAGA	1558
QY	2250	CTTTAATGAGATTAATTAATCAGGTAAAGCTGATGTCAATTTAAATGTTGCTTAAAGATGTC	2309
Db	1559	GCTTGATGCGCCTTCTAGTGGCAAGACAGATGTCAATTCGCGGTTTCTCCAAAGGCTTGCA	1618
QY	2310	AAGA 2313	
Db	1619	ACGA 1622	

RESULT 3

```

US-10-128-714-7563
; Sequence 7563, Application US/10128714
; Publication No. US20030119013A1
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Jiang, Bo
APPLICANT: Hu, Wengqi
APPLICANT: Tishkoff, Daniel
APPLICANT: Zamudio, Carlos
APPLICANT: Eroskin, Alexey M
APPLICANT: Lemieux, Sebastien M
TITLE OF INVENTION: Identification of Essential Genes in Aspergillus fumigatus and
TITLE OF INVENTION: Methods of Use
FILE REFERENCE: 10182-018-999
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/128, 714
CURRENT FILING DATE: 2002-04-23
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/285,697
PRIOR FILING DATE: 2001-04-23
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/287,066
PRIOR FILING DATE: 2001-04-27
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/295,890
PRIOR FILING DATE: 2001-06-05
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/303,899
PRIOR FILING DATE: 2001-07-09
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/316,362

```

; PRIOR FILING DATE: 2001-08-31
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 8603
 ; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
 ; SEQ ID NO 7563
 ; LENGTH: 1992
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Aspergillus fumigatus
 US-10-128-714-7563

Query Match 5.1%; Score 179.6; DB 15; Length 1992;
 Best Local Similarity 56.6%; Pred. No. 3e-20;
 Matches 376; Conservative 0; Mismatches 279; Indels 9; Gaps 2;

QY 1659 TTTTCATTCTGGAATCAGAGAAATATTCATGCCCGGATATTCATATTAGTATCAG 1718
 DB TTTTCTCATCCGAGTCCAGACACTGTGACGCGGGAATGGGGGACCTTGAGTCC 1018
 QY 1719 CAGGTCAATCTGTGGAATTTATTTAGAAATG-----TGAAGAACTGGTGGT 1772
 DB CTGGGATACCTTCCGGGATCTCTTTCACCTTGCCCGAGGAGGTGTGTGGTGG 1078
 QY 1773 ATTGACTTGTCTCTGATTCGAAATGAAATGATGGCCAAAGCATTTGGTATTCATC 1832
 DB ACGTACTCAATCAACAGAGGAGAGTGTGCTGCACTTCGCGGCAATTTTCATTCATC 1138
 QY 1833 CTTTAACGCTGGAAGATATTCGAATGCAAGAACTGTGAAAGTTGAATTTTAA 1892
 DB CACTGACTACGGAATATCTTGACTCAAGAGCCCGTAAAGTGCAGCTTTTCAAGC 1198
 QY 1893 GTTATATTTTGTGTGTTTCCATCTT---TGAAGCTATTAAGATCTGAAGTAT 1949
 DB AATATATTCTTGTGTGCTTCCGACATCTATCACTCGACAGACAGACGACCTTCA 1258
 QY 1950 TAGAACCGATAAATGTTATATTTGTTTCCATGATGATATTTAAGTTCATTTT 2009
 DB TGGAGCCCGTCAACTTCAATGATGTTTTCGCGGACGATCTCTCATCTTCATTTCA 1318
 QY 2010 CACCAATTTCTCATCCAGCAATGTTAGAGAAAGTTCGTAATGAGATTTATGTCG 2069
 DB CCGAATATCCACACCGGCAATGTCAGGAGAGATTTGGAAAGCTTCGTATATGAT 1378
 QY 2070 ATGTTAGTCTGATGTTATGTTATGCTTAAATGAGAAATTTACCATGTTTTC 2129
 DB 1379 CCTCAGTAGTACGTGATCTGTATGCGCATATTTGACACATTTGTATGATTTT 1438
 QY 2130 CCGTATTCATGGAATTTGAATTTGAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2189
 DB 1439 CTGTATCCGAGAGATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1498
 QY 2190 GAGATACCTGATTTTATGATGATGATTTACAAAGATTTGTAATCAAGAGAAAGT 2249
 DB 1499 GCGTGCAGATTTTGAATCTTCTTACCGCAATCGGTGGCTTGTGTAAGAGTCA 1558
 QY 2250 CTTTAATGAGATTTATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2309
 DB 1559 GCTTATGAGCTTCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1618
 QY 2310 AAGA 2313
 DB 1619 ACGA 1622

RESULT 4
 US-09-864-408A-2265
 ; Sequence 2265, Application US/09864408A
 ; Publication No. US20040009474A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Leach, Martin D.
 ; TITLE OF INVENTION: No. US20040009474A1 Human Polynucleotides and Polypeptides Enc
 ; FILE REFERENCE: 21402-012
 ; CURRENT FILING DATE: US/09/864, 408A
 ; CURRENT FILING DATE: 2001-05-24

; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/206, 690
 ; PRIOR FILING DATE: 2000-05-24
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 9068
 ; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
 ; SEQ ID NO 2265
 ; LENGTH: 462
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Homo sapiens
 US-09-864-408A-2265

Query Match 3.3%; Score 118; DB 11; Length 462;
 Best Local Similarity 67.5%; Pred. No. 3.7e-10;
 Matches 166; Conservative 0; Mismatches 80; Indels 0; Gaps 0;

QY 1625 ATTATGAGGTTCAATCACTGATGATGATTTTCACTTTCAATTCGATGAGAGAACT 1684
 DB 217 AATCAGAAATTCAAATCTAGTATGATTTTGGTCTTCCGCTCGAATCGATGAACT 276
 QY 1685 ATTATGCCCCGATTTTCATCATTTAGTATCACCAGTCAATCTGTCGAGATTATT 1744
 DB 277 GTGATGCTAGTATATCTCTTGTATATCCGAGGACAGACCTTTATGATGATTT 336
 QY 1745 AGAATGTTGAAGAACTTGGTGTAGATTGATCTGCTACTGATTCGGAATGAA 1804
 DB 337 AAGGAGCGATCCACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 396
 QY 1805 ATGTTGCCAAGATTTGATTTATCTTTTAACTGCTGAGATTTGAGATGCAAGAA 1864
 DB 397 TGCAATGCAAAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 456
 QY 1865 ACTGCT 1870
 DB 457 ACGCGT 462

RESULT 5
 US-10-473-126-386
 ; Sequence 386, Application US/10473126
 ; Publication No. US20040234973A1
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Epigenomics AG
 ; TITLE OF INVENTION: Methods and nucleic acids for the analysis of hematopoietic cell
 ; FILE REFERENCE:
 ; CURRENT FILING DATE: US/10/473, 126
 ; CURRENT FILING DATE: 2003-09-26
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 1258
 ; SEQ ID NO 386
 ; LENGTH: 8056
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Artificial Sequence
 ; FEATURE:
 ; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
 US-10-473-126-386

Query Match 3.3%; Score 117.6; DB 18; Length 8056;
 Best Local Similarity 42.2%; Pred. No. 1.4e-09;
 Matches 1426; Conservative 0; Mismatches 1911; Indels 43; Gaps 12;

QY 169 TTAATTTAAGATNTTCATTTTCTTTTACCAAGCTATGAAATATTTTGTGT 228
 DB 1404 TTTTCTTATTTTATTTTATTTTATTTTAAAAAATTTTATTTTATTTTAT 1463
 QY 229 CTAAACCTATTAATTAATTTACAGAAATGCTCAATATTAATTAATTAATTAATTA 288
 DB 1464 AAAATTAATTAATTAATTAATTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1522
 QY 289 ATATATTAAGATATATCTCCCTTTGTTTCTTCCAGGATGTCGATG 348
 DB 1523 ATGTTAAAAAATTTTAAATTAATTTTAAAAAATTAATTAATTTAAAT 1582
 QY 349 TGAAGTTATTTATCAAAATTCACATCTATCACTTCTGATGATGATGAT 408

Db 1583 TTTAATTTATTTATTTAATTTTAAATTTTAAAAATTTGAAATTAATGAATTTGAAAAT 1642
 Qy 409 GGATGATCATAGAAATCAAAATCACTAATGATGTGCCATTAGTGAATGAAGATGAGT 468
 Db 1643 AAAAAAAAAATTTATTTAATTAATTAATGAATTAATTTTATTTTATTTAATTAATTAATTA 1702
 Qy 469 GGAATTTAAATCAAGATTAAGAAATCAAGAGTTGTAATAAAACGAAAAACAACAACATCA 528
 Db 1703 --AATTAATATTAATTAATTAATTAATTTAATTTAATTTAATTAATTAATTAATTA 1759
 Qy 528 TCAGAGATTAATCAAGATTAATGCTAATACCATGCTGTAATCTGGTCTTCAATTA 588
 Db 1760 --AATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1817
 Qy 589 GAAAAATCTAATCTTACCGATTAAGATTAAGATTAACCAACCTTAGAGATTAATCTGGTG 648
 Db 1818 AAAAAATTAATTTTGTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1877
 Qy 649 TGATGATCTAATTAACAGCGGTCAACAAAATGTAATTAATTAATGAGTTCATTAAGTAA 708
 Db 1878 TTTTATTTTATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1937
 Qy 709 AGATTTTATTTAATTAAGATTAATGATGACATCTTACTAATTAATCATACTACTTGC 768
 Db 1938 ATATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTATTTAA 1997
 Qy 769 A--ATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGA 825
 Db 1998 ATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTATTTTAA 2057
 Qy 826 AAAAAATCTCAATTTGAAATTTTACCTCATTAATTAATTAATTAATTAATTTGCTGTA 885
 Db 2058 AAAAAATTTTATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2116
 Qy 886 TAATCTAATTAATTTGAAATTAATGATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 945
 Db 2117 TAATTTTATTAATTTTATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2176
 Qy 946 TAGTGAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2236
 Db 2177 TTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2296
 Qy 1006 TACAACCTTGTGTTGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1065
 Db 2237 TAAAAATTTATTTTATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTTTATTTATTTAT 2296
 Qy 1066 TA---GAAGACATCTGCTGATCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1121
 Db 2297 TAATTTTAAATTAATTTTATTAATTTTGAATTAATTAATTAATTTTATTTATTAATTA 2356
 Qy 1122 CATCTCAAGAAATCAAGAGATGTTGTTTCCATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1181
 Db 2357 TAATTTTAAATTAATTTTATTAATTTTAAATTTTATTAATTTTATTTATTTATTTAA 2416
 Qy 1182 ATGAATGATTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1241
 Db 2417 AATTAATTTATTTATTTTAAATTAATTTTATTTTATTTTATTTATTTATTTATTTAT 2476
 Qy 1242 TACAATAAATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1301
 Db 2477 TATTTGTTTAAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2536
 Qy 1302 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2596
 Db 2537 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2656
 Qy 1382 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1421
 Db 2597 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2656
 Qy 1422 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1481
 Db 2657 TAAAAATTTTAAATTAATTTTATTTTAAATTTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTAA 2716

Qy 1482 CAGAGAAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1541
 Db 2717 TAAAAATTAATTTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTTAT 2776
 Qy 1542 TATCAATTAATTTATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTGTAATTAATTAATTAATTA 1601
 Db 2777 TTTAATTAATTTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTGTAATTAATTAATTAATTA 2836
 Qy 1602 GTGAGCAGAAAT--TTCGATGAGATTAATGAGGTTCAATTAATTAATTAATTTTACCTT 1660
 Db 2837 TTTAATTAATTTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTAA 2896
 Qy 1661 TTCCATTTGATCAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1720
 Db 2897 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2953
 Qy 1721 GGTCAATCTGTTCCAGATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1780
 Db 2954 ATTAATTAATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3013
 Qy 1781 TGCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1840
 Db 3014 GATGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3073
 Qy 1841 GCTGAAGATTTTGAATCAAGAAATCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1900
 Db 3074 ATTTGAATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTAATTAATTAATTTATTAAT 3133
 Qy 1901 TTTGTTGTTTCCATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 1960
 Db 3134 TTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3193
 Qy 1961 AATGTTAATTAATTTGTTTTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2020
 Db 3194 AATTTGTTGTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAAT 3253
 Qy 2021 CATCAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2080
 Db 3254 GATTAATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTT 3313
 Qy 2081 GATGTTGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2140
 Db 3314 TGAATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3373
 Qy 2141 GGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2200
 Db 3374 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3433
 Qy 2201 TTTAGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2260
 Db 3434 TGAATAATTAATTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTTTATTTTATTTATTTA 3493
 Qy 2261 TTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2320
 Db 3494 AAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3553
 Qy 2321 AATCTTTCTGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2380
 Db 3554 AAAAAATTTGTTGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAA 3613
 Qy 2381 CCACACACACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2440
 Db 3614 ATTAATAAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTGA 3673
 Qy 2441 AGTTTAGAATTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2500
 Db 3674 TTTTATTTTATTAATTAATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3728
 Qy 2501 CCAATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2560
 Db 3729 TAAAAAATTAATTTTATTTTAAATTTTATTTTAAATTTTATTTATTTATTTATTTATTT 3788


```

? APPLICANT: Hu, Wengji
? APPLICANT: Tishkoff, Daniel
? APPLICANT: Zamudio, Carlos
? APPLICANT: Eroshtkin, Alexey M
? APPLICANT: Lemieux, Sebastien M
? TITLE OF INVENTION: Identification of Essential Genes in Aspergillus fumigatus and
? TITLE OF INVENTION: Methods of Use
? FILE REFERENCE: 10182-018-999
? CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/128,714
? CURRENT FILING DATE: 2002-04-23
? PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/285,697
? PRIOR FILING DATE: 2001-04-23
? PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/287,066
? PRIOR FILING DATE: 2001-04-27
? PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/295,890
? PRIOR FILING DATE: 2001-06-05
? PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/303,899
? PRIOR FILING DATE: 2001-07-09
? PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/316,362
? PRIOR FILING DATE: 2001-08-31
? NUMBER OF SEQ ID NOS: 8603
? SOFTWARE: PatentIn version 3.1
? SEQ ID NO 6563
? LENGTH: 2048
? TYPE: DNA
? ORGANISM: Aspergillus fumigatus
? US-10-128-714-6563

```

US-10-128-714-6563

US-10-128-714-6563

US-10-128-714-6563

```

Db      1559  CGACGATTTTGATCTCTTACCGCGAATCGTGCCCTTGTGAAGAGTCATAGCTT 1618
Qy      2254  AATGAGATTATATACAGGTAAGCTGATGTCATTAATAATGTTGCTAAAGATGTCAGA 2313
Db      1619  GATGGCCTTCTTAGGTGGCAAGAGATGTCTATTCGCGCTTCTCCAGCGTTGCAAGA 1678

```

RESULT 9

```

US-10-128-714-563
; Sequence 563, Application US/10128714
; Publication No. US20030119013A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Jiang, Bo
; APPLICANT: Hu, Wengqi
; APPLICANT: Tishkoff, Daniel
; APPLICANT: Zamudio, Carlos
; APPLICANT: Eroszhkin, Alexey M
; APPLICANT: Lemieux, Sebastien M
; TITLE OF INVENTION: Identification of Essential Genes in Aspergillus fumigatus and
; FILE REFERENCE: 10182-018-999
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/128,714
; PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/285,697
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/287,066
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-27
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/295,890
; PRIOR FILING DATE: 2001-06-05
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/303,899
; PRIOR FILING DATE: 2001-07-09
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/316,362
; PRIOR FILING DATE: 2001-08-31
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 8603
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 563
; LENGTH: 4048
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Aspergillus fumigatus
US-10-128-714-563

```

```

Query Match      3.2%; Score 113.6; DB 15; Length 4048;
Best Local Similarity 52.2%; Pred. No. 4.9e-09;
Matches 376; Conservative 0; Mismatches 279; Indels 65; Gaps 3;

Qy      1659  TTTTCCATTCTGGAATCAGAGAAGAACTATTCATGCCCGGATATTCATCATTAATGATC 1718
Db      1559  TTTTCTCATCCGAGTCCAGAGACTGTGCATGCGGGAAGCTGGGGAAGCTTGTGCTCC 2018
Qy      1719  CAGGTCAATCTGTTGAGATTATTTAGAAATG-----TGAGAAACTTGTGTGTAG 1772
Db      2019  CTGGTGATACCTTCCGGGATCTTTCAACTTGGCCGAGGAGAGTGTGTGTGTGG 2078
Qy      1773  ATTGTACTGTTCCTACTGATTCGGAATGAAATTTGGCCCAAGCATTGGTATTCATC 1832
Db      2079  ACGTACTCAATCCAGAGAGAGAGAGTGTGCACTCGCGGCATTTTCCATCCATC 2138
Qy      1833  CTTTAAGCTGGAAGATATTCGAATGCAAGAACTCGTGAAGAAAGTTGAATTAATAA 1892
Db      2139  CACTGACTACGGAAGATATCTTGACTCAAGAGCCCGTGAAGAGTTCAGCTTTCAAGC 2198
Qy      1893  GTTATTAATTTGTTGTTTCCATACCTT---TGAAGTGAATTAAGATCTGAAGATTAT 1949
Db      2199  AATATTAATTTGTGTCTTCCGGAATCTATCAGCTGAGCAAGACAGACAGAGCTTCA 2258
Qy      1950  TAGAAGCATTAATTTATATTTGTTGTTTCCATGATGTAATTAAGTTCCATTTT 2009
Db      2259  TGGAGCCCGTCAACTTACATGTGTGTTTCCGAGCGTGTCTCTCATTTCTCATTTCA 2318
Qy      2010  CACCAATTTTCATCCAGCAAGATGTTAGAGAGAGTGTCTCAATTAAGAGATTATGTC 2069
Db      2319  CCGAGATTCACACGCGGCAATATGTCAGAGAGAGATTGGAGAGCTTGATTAATGTGT 2378

```

```

Qy      2070  ATGTAGTCTGATGTTGTTATGTATGCTTAATC----- 2104
Db      2379  CCCTCAGTAGTAGCATGATCTGTATGTCATGATGAATGACAGAGGCGTATTTCTAA 2438
Qy      2105  -----GATGAATTAACCATGTGTTTGGCCCCGT 2133
Db      2439  TGAGACCGTCTAGTTCTTACAGTTGGCAGAGTGACACATTTGTATTAATTTTGGGCTGT 2498
Qy      2134  GATTCATGAATTTGAATATGAAGCTGATGCACTGAAGATGCGGTTTCACTGTAGAGA 2193
Db      2499  CATCCGAGAGATTGAGATCGAATCTGAGGCAATTGAGACCTCGTTTTCATGCGCGCGT 2558
Qy      2194  TACTGATTTTAGTAGTATGTTACAAAGATTGTGTAATCAAGAGAAAGTTCATGACTTT 2253
Db      2559  CGACGATTTGAATCTCTTACCGCGAATCGTGCGCTTGTTGAAGAGTCAATAGACTT 2618
Qy      2254  AATGAGATTATATACAGGTAAGCTGATGTCATTAATAATGTTTGTAAAGATGTCAGA 2313
Db      2619  GATGGCCTTCTTAGGTGGCAAGAGATGTCTATTCGCGTTCCTCCAGCGTTGCAAGA 2678

```

RESULT 10

```

US-10-128-714-5563
; Sequence 5563, Application US/10128714
; Publication No. US20030119013A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Jiang, Bo
; APPLICANT: Hu, Wengqi
; APPLICANT: Tishkoff, Daniel
; APPLICANT: Zamudio, Carlos
; APPLICANT: Eroszhkin, Alexey M
; APPLICANT: Lemieux, Sebastien M
; TITLE OF INVENTION: Identification of Essential Genes in Aspergillus fumigatus and
; FILE REFERENCE: 10182-018-999
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/128,714
; PRIOR FILING DATE: 2002-04-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/285,697
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/287,066
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-27
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/295,890
; PRIOR FILING DATE: 2001-06-05
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/303,899
; PRIOR FILING DATE: 2001-07-09
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/316,362
; PRIOR FILING DATE: 2001-08-31
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 8603
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 5563
; LENGTH: 4048
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Aspergillus fumigatus
US-10-128-714-5563

```

```

Query Match      3.2%; Score 113.6; DB 15; Length 4048;
Best Local Similarity 52.2%; Pred. No. 4.9e-09;
Matches 376; Conservative 0; Mismatches 279; Indels 65; Gaps 3;

Qy      1659  TTTTCCATTCTGGAATCAGAGAAGAACTATTCATGCCCGGATATTCATCATTAATGATC 1718
Db      1559  TTTTCTCATCCGAGTCCAGAGACTGTGCATGCGGGAAGCTGGGGAAGCTTGTGCTCC 2018
Qy      1719  CAGGTCAATCTGTTGAGATTATTTAGAAATG-----TGAGAAACTTGTGTGTAG 1772
Db      2019  CTGGTGATACCTTCCGGGATCTTTCAACTTGGCCGAGGAGAGTGTGTGTGTGG 2078
Qy      1773  ATTGTACTGTTCCTACTGATTCGGAATGAAATTTGGCCCAAGCATTGGTATTCATC 1832
Db      2079  ACGTACTCAATCCAGAGAGAGAGTGTGCACTCTCGCGGCAATTTTCCATCCATC 2138
Qy      1833  CTTTAAGCTGGAAGATATTCGAATGCAAGAACTCGTGAAGAAAGTTGAATTAATAA 1892

```


THIS PAGE BLANK (USPTO)

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: April 14, 2005, 14:15:33 ; Search time 10845 Seconds
(without alignments)
12372.204 Million cell updates/sec

Title: US-10-018-105-3
Perfect score: 3525
Sequence: 1 tataataataataataata.....tcaattatcaatattgc 3525

Scoring table: IDENTITY NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 34239544 seqs, 19032134700 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 68479088

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : EST:
1: gb_est1:
2: gb_est2:
3: gb_hic:
4: gb_est3:
5: gb_est4:
6: gb_est5:
7: gb_est6:
8: gb_gsa1:
9: gb_gsa2:

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match length	ID	Description
c 1	359.8	10.2	912 9	CNS06173 AL399925 T7 end of
c 2	301.6	8.6	1032 9	CNS0736W AL427134 clone BAO
c 3	211.2	6.0	1089 9	CNS0603K AL410742 T3 end of
c 4	210.8	6.0	798 9	CNS076G5 AL426171 clone BAO
c 5	202	5.7	579 8	BZ295013 CG1236.f1
c 6	187.2	5.3	911 9	CNS06HIN AL399045 T3 end of
c 7	176	5.0	7 9	CNS06GM9 AL398239 T3 end of
c 8	176	5.0	911 9	CNS06GN7 AL397913 T3 end of
c 9	172.4	4.9	955 7	CNS028936 CO028936 EST807320
c 10	163	4.6	387 7	CO142543 EST837214
c 11	156.2	4.4	771 7	CF709049 CF709049 CCAG479TR
c 12	146	4.1	973 8	BZ297820 T7 end of
c 13	145.4	4.1	524 8	BZ297820 CG1653.r1
c 14	143	4.1	763 1	AL637812 AL637812
c 15	141.2	4.0	614 4	BM266292 VL58 CDNA
c 16	141	4.0	712 5	BQ743184 WHE4101.A
c 17	133.2	3.8	964 7	CD034119 CD034119
c 18	128.4	3.6	715 6	CD488599 T11.F12.T
c 19	122.6	3.5	850 9	CNS06K53 CD488599 T11.F12.T
c 20	121.8	3.5	921 9	CNS075P2 AL430413 clone BAO
c 21	119.2	3.4	907 7	CO027928 EST806312
c 22	117	3.3	895 9	CNS06H1Z AL398429 T7 end of
c 23	114.8	3.3	934 7	CF823927 EST701309
c 24	110.2	3.1	551 1	AL637804 AL637804

c 25	109.4	3.1	786 7	CF709038	CF709038 CCAG479TR
c 26	108.6	3.1	1061 9	CNS07DBE	AL440364 T3 end of
c 27	108.2	3.1	901 7	CO011480	CO011480 EST799815
c 28	108	3.1	965 7	CF820256	CF820256 EST697638
c 29	106.6	3.0	641 8	AQ946120	AQ946120 Sheared D
c 30	106	3.0	575 8	BZ780846	BZ780846 1120H1.9
c 31	102.4	2.9	819 9	CF715298	CF715298 CCAC057P
c 32	100.6	2.9	707 9	CG403581	CG403581 ZMMB024
c 33	100.6	2.9	815 7	CO025755	CO025755 EST804139
c 34	100.6	2.9	823 7	CO025396	CO025396 EST803780
c 35	100.6	2.9	907 7	CO028288	CO028288 EST806472
c 36	100.6	2.9	932 7	CO025732	CO025732 EST804116
c 37	100.6	2.9	936 7	CO031086	CO031086 EST809470
c 38	100.6	2.9	989 7	CO028935	CO028935 EST807319
c 39	100.4	2.8	413 5	BQ491813	BQ491813 EST00979
c 40	99.8	2.8	587 8	BH873429	BH873429 hp45407.b
c 41	99.8	2.8	781 9	BX145762	BX145762 Danto rer
c 42	97.4	2.8	832 8	BH391984	BH391984 AG-ND-138
c 43	96.2	2.7	772 7	CF816703	CF816703 EST694085
c 44	96	2.7	700 8	AQ940248	AQ940248 Sheared D
c 45	95.4	2.7	670 8	BZ388480	BZ388480 EINDL21TF

ALIGNMENTS

RESULT 1
CNS06173/c 912 bp DNA linear GSS 30-NOV-2001
LOCUS T7 end of clone AS0A018C10 of library AS0A from strain CL18 533
DEFINITION of Saccharomyces bayanus, genomic survey sequence.
ACCESSION AL399925
VERSION AL399925.1 GI:12155087
KEYWORDS GSS.
SOURCE Saccharomyces bayanus
ORGANISM Saccharomyces bayanus
Bukaryota; Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes;
Saccharomycetales; Saccharomycetaceae; Saccharomyces.

REFERENCE
AUTHORS Soucier, J.L., Aigle, M., Artiguenave, F., Blandin, G.,
Boletín-Fukuhara, M., Bon, E., Brotier, P., Casaregola, S.,
de-Montigny, D., Dujon, B., Durrens, P., Lepingle, A., Lorente, B.,
Malpertuy, A., Neuvéglise, C., Ozier-Kalogeropoulos, O., Potier, S.,
Saurin, W., Tekala, F., Toffano-Nioche, C., Wesolowski-Louvel, M.,
Wincker, P. and Weissenbach, J.
Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 1. A set of
yeast species for molecular evolution studies

TITLE
JOURNAL FEMS Lett. 487 (1), 3-12 (2000)
MEDLINE 20584711
PUBMED 11152876

REFERENCE
AUTHORS Bon, E., Neuvéglise, C., Casaregola, S., Artiguenave, F., Wincker, P.,
Aigle, M. and Durrens, P.
Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 5.
Saccharomyces bayanus var. uvarum

TITLE
JOURNAL FEMS Lett. 487 (1), 37-41 (2000)
MEDLINE 20584715
PUBMED 11152880

REFERENCE
AUTHORS 3 (bases 1 to 912)
Direct Submission

COMMENT
Submitted (07-SEP-2000) Genoscope - Centre National de Séquençage,
2 rue Gaston Crémieux, CP 5706, 91057 EVRY cedex, FRANCE. (E-mail :
beget@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr)
This GSS is part of a random genomic sequencing program of thirteen
yeast species: Saccharomyces bayanus var. uvarum, Saccharomyces
exiguus, Saccharomyces servazii, Zygosaccharomyces rouxii,
Saccharomyces kluyveri, Kluyveromyces thermotolerans, Kluyveromyces
lactis var. lactis, Kluyveromyces marxianus var. marxianus, Pichia
angusta, Debaryomyces hansenii var. hansenii, Pichia sorbitophila,
Candida tropicalis and Yarrowia lipolytica. Genomic inserts of 3 to
5 kb were prepared and both extremities were sequenced. See
keywords for description of this sequence and for the sequence of

the other extremity of this insert.

FEATURES
Location/Qualifiers

source

1..912
/organism="Saccharomyces bayanus"

/mol_type="genomic DNA"

/strain="CLIB 533"

/variety="uvarum"

/db_xref="taxon:4931"

/clone="AS0A018C10"

/clone_1lb="AS0AA"

/note="end : T7"

/complement(<2..>912)

/note="similar to Saccharomyces cerevisiae ORF YOL130w [

ALR1 ; divergent cation transporter]

1 putative frameshift(s)"

/evidence=not experimental

/note="similar to Saccharomyces cerevisiae ORF YFL050c [

ALR2 ; divergent cation transporter]

1 putative frameshift(s)"

/evidence=not experimental

ORIGIN

Query Match 10.2%; Score 359.8; DB 9; Length 912;

Best Local Similarity 68.9%; Pred. No. 2,6e-55;

Matches 473; Conservative 30; Mismatches 182; Indels 2; Gaps 2;

1639 ATTACCTGATAGATATTTTCATCTTTCATCTGATCAGAAAGAACTATTCATCCCGCA 1698

772 ATCCCAATAGATTTGTTTCTTCTTCAGAAATCTGAACTGTCATGCTACTGTA 713

1699 TATTCATCATATTAGATATCAGCAGATCATCTGTCAGATTATTTAGAAATGCTGAGA 1758

712 TATCCCGCTCTGATGTCAGAGCCAGTCGTTCTATGAAATGTTTGAAGGGGGGAAAC 653

1759 AACTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1818

652 AACTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 593

1819 ATTGCTATTCATCTTTCATCTGATCAGAAAGAACTATTCATCCCGCA 1876

552 ATTGCTATTCATCTTTCATCTGATCAGAAAGAACTATTCATCCCGCA 533

1877 GTTGAATATTAAAGTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATT 1936

532 GTTGAATATTAAAGTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATTATT 473

1937 TCTGAAGATATTGAACCGCAATATGTTTATGTTTATGTTTATGTTTATGTTTATGTTT 1996

472 TCTGAAGATATTGAACCGCAATATGTTTATGTTTATGTTTATGTTTATGTTTATGTTT 413

1997 AGCTTCATTTTCAACCAATTTCTCATCCAGCAAAATGTTAGAAGAAAGTTGTCATTTG 2056

412 TCTTCATTTTCAACCAATTTCTCATCCAGCAAAATGTTAGAAGAAAGTTGTCATTTG 353

2057 AGAGATTATGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2116

352 CGTGAATTATGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 293

2117 GATGTTTGGCCCCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2176

292 GATGTTTGGCCCCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 233

2177 GATGTTTGGCCCCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2236

232 GATGTTTGGCCCCGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 173

2237 AGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2296

172 CGTGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 113

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

2297 GCTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT

Db 112 GCAAAAAGGTCTCAAGACGATGCTAGT 86

RESULT 2

CNS0736w/c

LOCUS

DEFINITION

ACCESSION

VERSION

KEYWORDS

SOURCE

ORGANISM

REFERENCE

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

MEDLINE

PUBMED

REFERENCES

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

MEDLINE

PUBMED

REFERENCES

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

MEDLINE

PUBMED

REFERENCES

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

MEDLINE

PUBMED

REFERENCES

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

MEDLINE

PUBMED

REFERENCES

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

MEDLINE

PUBMED

REFERENCES

AUTHORS

TITLE

JOURNAL

MEDLINE

PUBMED

1032 bp DNA linear GSS 07-JUL-2001

clone BA0AB017C04 of library BA0AB from strain CLIB 210 of

Kluyveromyces lactis, genomic survey sequence.

AL427134

AL427134.1 GI:12210328

GSS.

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

1032 bp DNA linear GSS 07-JUL-2001

clone BA0AB017C04 of library BA0AB from strain CLIB 210 of

Kluyveromyces lactis, genomic survey sequence.

AL427134

AL427134.1 GI:12210328

GSS.

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

1032 bp DNA linear GSS 07-JUL-2001

clone BA0AB017C04 of library BA0AB from strain CLIB 210 of

Kluyveromyces lactis, genomic survey sequence.

AL427134

AL427134.1 GI:12210328

GSS.

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Kluyveromyces lactis

Oy		1612	AATTCTCATGGGATTTAATVNGAGGGTCAATTCACCTBTAAGATTTTCACTTTCCATCTCGA	1671
Dd		573	AATACCAGAACAAGACTCCATTTTGATGCACCCAAITGAATTTGCCATTTTAGTTCTCGA	514
Oy		1672	ATCAGAAAGAACTATTTCATGCCCCCGATATTTCCATCATTTAGTATCACCAAGGTCACTGT	1731
Dd		513	CGTATCTGAACCTTTGCATGCTCCAGACCTCTCGTCACTAGTGAAGCCTTATTCATTCATT	454
Oy		1732	TCCGATTTATTTAGAAAATGCTGAAGAAAACCTTGCTGGTTAGATTGTACTTGTCTTACTGA	1791
Dd		453	TAGCAATATTATTCATGATGATGGTGCTCCACCTGGGTGGATGCTGCAATGGCCCTACAGA	394
Oy		1792	TTCCGAAATGAAAAATGTTGGCCAAAGCAATTTGGTATTCATCCTTTAACCTGGCGAAGATAT	1851
Dd		393	TGAGGAATGAGGCTGCTTGACCCAAACATTTGGAATTCATCTTGACATACAGAAAGATAT	334
Oy		1852	TCGAATGCAGAAACTCGTGAAGAAAAGTTGAATTATTATAAAGTTATTTATTTGTTGTTT	1911
Dd		333	CAGATGCAAGAACTCGTGAAGAAAAGTGAACCTTTTGAAAACATATTATTTTCATCTGTTT	274
Oy		1912	CCATATCTTTGAAAGCTGATPAAAAGAAATCTGAAAGATTATTAGAACCGATPAATGTTATAT	1971
Dd		273	CCATATCGTTCGAAAATGATATGGAATCGAGAGACTTTTAGAGCCCATTAACGTCTATAT	214
Oy		1972	TGTTGTTTTCCATGATGCTATATTATTAACCTTCATTTTTCACCAATTTCTATCCAGCAA	2031
Dd		213	GGTGTTTTTSCGAACGGATTTCTTAACCTTTCCACTTAAACCCAATCTCACATGTGCCAA	154
Oy		2032	TGTTAAGAAGAAGTTCSTCAATTGAGAGATTAATGCAATGTTAGTGTGCTGATGGTTATG	2091
Dd		153	TGTCAGAAAGACGTGTGAGACAACCTTAGAGATTATATGTCGGCTAACTCAGATTGGATTG	94
Oy		2092	TTATGCTTAAATCGATGAAATTAACCGATGTTTTTGCCCCGCTGATTCAGAAATGGAATA	2151
Dd		93	TTAGCGCTTAGATGATGATATACACAGATAGTTTTCACCTGTATTTCATCAATGCAATA	34
Oy		2152	TGAAGCTGATGCCATTGAAGATGCCGTTTCA	2183
Dd		33	TGAAGCAGATGCATAAGAAAGATTCAGTGTTTA	2
RESULT_3				
CNS06QJK				
LOCUS				
DEFINITION		CNS06QJK	1089 bp	DNA linear GSS 05-JUL-2001
ACCESSION			T3 end of clone AMOHA006E08 of library AMOHA from strain CLIB 89 OBO	
VERSION			Yarrowia lipolytica, genomic survey sequence.	
KEYWORDS			AL410742	
SOURCE			AL410742.1 GI:12179414	
ORGANISM			GSS.	
REFERENCE			Yarrowia lipolytica	
AUTHORS			Yarrowia lipolytica	
			Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes;	
			Saccharomycetales; Dipodascaceae; Yarrowia.	
			1 (bases 1 to 1089)	
TITLE			Soucieu,J.L., Aigle,M., Artiguenave,F., Blandin,G.,	
JOURNAL			Bolotin-Fukuhara,M., Bon,E., Broctier,P., Casaregola,S.,	
MEDLINE			de-Montigny,J., Dujon,B., Durrens,P., Lepingle,A., Lorente,B.,	
PUBMED			Malpertuy,A., Neuveglise,C., Ozier-Kalogeropoulos,O., Potier,S.,	
REFERENCE			Sarrin,W., Tekala,F., Toffeno-Nicchoe,C., Wesolowski-Louvel,M.,	
AUTHORS			Wincker,P. and Weissenbach,J.	
			Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 1. A set of	
			yeast species for molecular evolution studies	
			FEMS Lett. 487 (1), 3-12 (2000)	
TITLE			1152876	
JOURNAL			2 (bases 1 to 1089)	
MEDLINE			Casaregola,S., Neuveglise,C., Lepingle,A., Bon,E., Feynrol,C.,	
PUBMED			Artiguenave,F., Wincker,P. and Galliardin,C.	
REFERENCE			Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 17. Yarrowia	
AUTHORS			lipolytica	
			FEMS Lett. 487 (1), 95-100 (2000)	
TITLE			20584727	
JOURNAL			1152892	
MEDLINE				
PUBMED				

REFERENCE AUTHORS TITLE JOURNAL	COMMENT	FEATURES SOURCE
3 (bases 1 to 1089)	Genoscope. Direct Submission Submitted (07-SRP-2000) Genoscope - Centre National de Sequencage, 2 rue Gaston Cremieux, CP 5706, 91057 EVRY cedex, FRANCE. (E-mail : seqref@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr) This GSS is part of a random genomic sequencing program of thirteen yeast species: <i>Saccharomyces bayanus</i> var. <i>uvatum</i> , <i>Saccharomyces</i> <i>exiguus</i> , <i>Saccharomyces servazzii</i> , <i>Zygosaccharomyces rouxii</i> , <i>Saccharomyces kluyveri</i> , <i>Kluyveromyces thermotolerans</i> , <i>Kluyveromyces</i> <i>lactis</i> var. <i>lactis</i> , <i>Kluyveromyces marxianus</i> var. <i>marxianus</i> , <i>Pichia</i> <i>angusta</i> , <i>Debaryomyces hansenii</i> var. <i>hansenii</i> , <i>Pichia sorbitophila</i> , <i>Candida tropicalis</i> and <i>Yarrowia lipolytica</i> . Genomic inserts of 3 to 5 kb were prepared and both extremities were sequenced. See keywords for description of this sequence and for the sequence of the other extremity of this insert.	1. 1089 /organism="Yarrowia lipolytica" /mol_type="genomic DNA" /strain="CLIB 89" /db_xref="taxon:4952" /clone="AM0AA006E08" /clone_1ib="AM0AA" /note="Tend : T3" /c3. =833 /note="similar to <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ORF YFL050c [ALR2 ; divergent cation transporter] similar to <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ORF YOL130w [ALR1 ; divalent cation transporter]" /evidence=not_experimental
ORIGIN		
Query Match Best Local Similarity 61.8%; Pred. No. 3.3e-28; Matches 336; Conservative 0; Mismatches 208; Indels 0; Gaps 0;		
QY 1764 GGTGGTAAATGTTACTTGTCTGCTACTGATTCGGAATGAAATGTTGGCCAAACATTTG 18233		
Db 1 GGTGGCTGAGCTGCTACAAACCCCAACGATGAGTGTGATCAAGATCTTTCCAAAGCCTTTG 60		
QY 1824 GATTCATCTCTTAATCTGCTGGAAGATTTGGAATGCAAGAACTCGGAAAATTTGAAT 18833		
Db 61 GAGTTCACCCCTGACTCTCGAGAGATATCCGAACCCAGAGCTCAGAGAGAGGTGAGA 120		
QY 1884 TATTTAAAGTATTTATTTGTTGTTTCCATCTTTGGAAGCTGATAAAGATCTGAG 19433		
Db 121 TTTTCAAGTCTACTACTTTGTGTACCTTCAACACTTACAGACAGATTTGGAGTCTGAG 180		
QY 1944 ATTATTTAGAACCGATTAATGTTATATTTGTTTTCATGATGATATTTAAAGTTCC 20033		
Db 181 ACTACCTTGACCCGTGCTCCGTGTACATGCTGTTTCAAGAGGCGATCATCACTGHC 240		
QY 2004 ATTTTTCACCAATTTCTCATCTCCAGCAATGTTAGAGAGAGTTGTCATTTGAGAGATT 20633		
Db 241 ACTTTTCTCCCTTCCAGACCTTGCCCAACGTCACACAGCAATCCGACAGCTGAGAGAT 300		
QY 2064 ATGTCGATGTAGTGTGATTTGTTGTTATGCTTAATCGATGAATTTACCGATGGTT 21233		
Db 301 ATGTCACGTAACCCCGACCTGAGTCTGTTATGCTATCATTTGATGAGACATCACTGATTC 360		
QY 2124 TTGCCCCCGTATTCATGAAATGGAATGAGCTGATGCGATTTGAAGATGCGCTTTTCA 21833		
Db 361 TCGTGCCCGTCTCCCAAGAGATGAGGTGAGCTAGGATTAATGAGAGAGTCCGATATTG 420		
QY 2184 CTGCTAGAGATCTGATTTTATGATGATGTTTCAAGAAATTTGGTAAATCAAGAGAAAG 22433		
Db 421 ATGCTCAGATGACGACTTTTCCCTCATGCTGCGACCAATTTGGAAGCCCGATCCAAAG 480		
QY 2244 TCATGACTTTAATGAGATTTATCAGTAAAGCTGATGATCAATTAATGTTTGTCTAAA 23033		
Db 481 CTGACTTATGATGCTTCTTATCCGATTAAGGCTGATGATGCTTCAATGTTTGCACAGC 540		

QY 2304 GATG 2307
Db 541 GATG 544

RESULT 4
CNS07235/c
LOCUS
DEFINITION
ACCESSION
VERSION
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
REFERENCE
AUTHORS
TITLE
JOURNAL
MEDLINE
PUBMED
REFERENCE
AUTHORS
JOURNAL
TITLE
COMMENT
FEATURES
source
misc_feature
ORIGIN
Query Match
Best Local Similarity

798 bp DNA linear GSS 07-JUL-2001
clone BA0AB011C01 of library BA0AB from strain CLIB 210 of
Kluyveromyces lactis, genomic survey sequence.
AL426171.1 GI:12209365
GSS.
Kluyveromyces lactis
Kluyveromyces lactis
Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes;
Saccharomycetales; Saccharomycetaceae; Kluyveromyces.
1 (bases 1 to 798)
Souciet,J.L., Aigle,M., Artiguenave,F., Blandin,G.,
Bolotin-Fukuhara,M., Bon,E., Brothier,P., Casaregola,S.,
de-Montigny,J., Dujon,B., Durrens,P., Lepingle,A., Llorente,B.,
Malpertuy,A., Neuvéglise,C., Ozier-Kalogeropoulos,O., Portier,S.,
Sautin,M., Tekala,F., Toffano-Nioche,C., Wesolowski-Louvel,M.,
Wincker,P. and Weissenbach,J.
Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 1. A set of
yeast species for molecular evolution studies
FEMS Lett. 487 (1), 3-12 (2000)
11152876
2 (bases 1 to 798)
Bolotin-Fukuhara,M., Toffano-Nioche,C., Artiguenave,F.,
Duchateau-Nguyen,G., Lemaire,M., Marnessee,R., Montrocher,R.,
Robert,C., Termier,M., Wincker,P. and Wesolowski-Louvel,M.
Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 11.
Kluyveromyces lactis
FEMS Lett. 487 (1), 66-70 (2000)
11152886
3 (bases 1 to 798)
Genoscope.
Direct Submission
Submitted (08-SEP-2000) Genoscope - Centre National de Séquençage,
2 rue Gaston Crémieux, CP 5706, 91057 EVRY cedex, FRANCE. (E-mail :
seqref@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr)
This GSS is part of a random genomic sequencing program of thirteen
yeast species: Saccharomyces bayanus var. uvarum, Saccharomyces
exiguus, Saccharomyces servazii, Zygosaccharomyces rouxi, and
Saccharomyces kluyveri, Kluyveromyces thermotolerans, Kluyveromyces
lactis var. lactis, Kluyveromyces marxianus var. marxianus, Pichia
angusta, Debaryomyces hansenii var. hansenii, Pichia sorbitophila,
Candida tropicalis and Yarrowia lipolytica. Genomic inserts of 3 to
5 kb were prepared and both extremities were sequenced. See
keywords for description of this sequence and for the sequence of
the other extremity of this insert.
Location/Qualifiers
1..798
/organism="Kluyveromyces lactis"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="CLIB 210"
/variety="lactis"
/db_xref="taxon:28985"
/clone_1lb="BA0AB011C01"
/clone_1lb="BA0AB"
complement(<62..>796)
/note="similar to Saccharomyces cerevisiae ORF YFL050C [
ALR2, divalent cation transporter]
similar to Saccharomyces cerevisiae ORF YOL130W [ALR1 ;
divalent cation transporter]"
/evidence=not_experimental

6.0%; Score 210.8; DB 9; Length 798;
72.3%; Pred. No. 3.9e-28;

Matches 272; Conservative 1; Mismatches 103; Indels 0; Gaps 0;
QY 1948 TTGAACCGATTAATGTTATATTTGTTTCATGATGATATTAATTAAGTTCCATT
Db 797 TTGAGCCCATTAACGCTATATGTTGTTTGGCAGCGATTTCACTTCCACTT 738
QY 2008 TTCAACCAATTTTCATCCAGCAATGTTAGAGAGAGTTGCTCAATTGAGAGTTATGT 2067
Db 737 TAACCCATTCACCAATTTGTGCAATGTGCAGAGACGTTGTAGACAACTTACAGATTATGT 678
QY 2068 CGATGTTAGTCGATTTGTTATGTTATGCTTAATGATGATTAACCGATGTTTTCG 2127
Db 677 CGCGTAACTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 618
QY 2128 CCCGCTGATTCATGAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2187
Db 617 ACCTGTTATTCATCAATTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 558
QY 2188 TAGAGATTCGATTTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2247
Db 557 CAGAGACATGAAATTTGCTGTAATGCTTCAGAGAAATGTTGAGAGAGAGAGAGAGAGAT 498
QY 2248 GACTTAAATGATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2307
Db 497 GACACTATGATGATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 438
QY 2308 TCAAGAGAGAGATTAAT 2323
Db 437 CCAGAGAGATTAAT 422

RESULT 5
B2295013/c
LOCUS
DEFINITION
ACCESSION
VERSION
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
JOURNAL
MEDLINE
PUBMED
REFERENCE
AUTHORS
TITLE
COMMENT
FEATURES
source
ORIGIN
Query Match
Best Local Similarity
Matches

579 bp DNA linear GSS 31-OCT-2002
CG1236.f1 Candida glabrata Random Genomic Library Candida glabrata
genomic clone CG1236, genomic survey sequence.
B2295013
B2295013.1 GI:24436002
GSS.
Candida glabrata
Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes;
Saccharomycetales; mitosporic Saccharomycetales; Candida.
1 (bases 1 to 579)
Wong,S., Fares,M.A., Zimmermann,W., Butler,G. and Wolfe,K.H.
Evidence from comparative genomics for a complete sexual cycle in
the 'asexual' pathogenic yeast Candida glabrata
Genome Biol. 4 (2), R10 (2003)
12620120
Contact: Wong S
Department of Genetics, Smurfit Institute
Trinity College Dublin
Dublin 2, Ireland
Tel: 353 1 6082319
Fax: 353 1 6798558
Email: swong@tcd.ie
Class: plasmid ends.
Location/Qualifiers
1..579
/organism="Candida glabrata"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="CBS 138"
/db_xref="taxon:5478"
/clone="CG1236"
/clone_1lb="Candida glabrata Random Genomic Library"

5.7%; Score 202; DB 8; Length 579;
74.9%; Pred. No. 1.6e-26;
253; Conservative 0; Mismatches 85; Indels 0; Gaps 0;
1643 CCTGATGATTTTCATCTTTCATTCGATTCAGAGAGAACTATTCATCCCGCATATT 1702


```

Db      344 CCTGACATTTTCTTCTCTCTCATGAGAAATGGAAGAAAGATTCATGCGACATATTA 285
Oy      1703 CCATCATATGATATCAGCAGATCTGTGAGATTTATTAGAAATGTGAAGAACT 1762
Db      284 GCAAACTTAGTACACCGAGGAGATCTTTTACCTTCACGGGGCGAGAGCCAAACG 225
Oy      1763 TGTGGTATGATTTGATCTTGTCTTCTATCTGATTCGAAATGAATGTTGGCCAAAGACTTT 1822
Db      224 TGTGGTATGATTTGATCTTGTCTTCTATCTGATTCGAAATGAATGTTGGCCAAAGACTTT 165
Oy      1823 GGTATTCATCTTTACTGCTGAGATATTCGATGCAAGAACTCTGTAAGAAAGTTGAA 1882
Db      164 GGCATCCATCTTTCATCTGAGATATTAAGATGAAGAACTCTGAGAAAGTTGAG 105
Oy      1883 TTATTTAAAGTTATTTATTTGTTGTTTCATCTTTGAAAGCTTAAGAAATCTGAA 1942
Db      104 TTATTTAAAGTTATTTATTTGTTGTTTCATCTTTGAAAGCTTAAGAAATCTGAA 45
Oy      1943 GATTATTTAGAACCGATTAATGTTATATTTGTTGTTT 1980
Db      44 GATTTCCTAGAGCCATCAATGTATATGTGTTGTTATT 7

RESULT 6
CNS06HIN 911 bp DNA linear GSS 30-NOV-2001
LOCUS T3 end of clone AS0AA012F12 of library AS0AA from strain CLB 533
DEFINITION Saccharomyces bayanus, genomic survey sequence.
ACCESSION AL399045
VERSION AL399045.1 GI:12153045
SOURCE GSS.
ORGANISM Saccharomyces bayanus
Saccharomyces bayanus
Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes;
Saccharomycetales; Saccharomycetaceae; Saccharomycetes.
REFERENCE 1 (bases 1 to 911)
AUTHORS Souciet,J.L., Aigle,M., Artiguenave,F., Blandin,G.,
Bolotin-Fukuhara,M., Bon,E., Brothier,P., Casaregola,S.,
de-Montigny,J., Dujon,B., Durrens,P., Leplingle,A., Lorente,B.,
Maupertuy,A., Neuveglise,C., Ozier-Kalogeropoulos,O., Potier,S.,
Saurin,M., Tekala,F., Toffano-Nioche,C., Wesolowski-Jouvet,M.,
Wincker,P. and Weissenbach,J.
Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 1. A set of
Yeast species for molecular evolution studies
FEBS Lett. 487 (1), 3-12 (2000)

JOURNAL MEDLINE 20584711
PUBMED 11152876
TITLE 2 (bases 1 to 911)
AUTHORS Bon,E., Neuveglise,C., Casaregola,S., Artiguenave,F., Wincker,P.,
Aigle,M. and Durrens,P.
Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 5.
Saccharomyces bayanus var. uvarum
FEBS Lett. 487 (1), 37-41 (2000)

JOURNAL MEDLINE 20584715
PUBMED 11152880
TITLE 3 (bases 1 to 911)
AUTHORS Genoscope.
COMMENT Direct Submission
Submitted (07-SEP-2000) Genoscope - Centre National de Sequencage,
2 rue Gaston Cremieux, CP 5706, 91067 EVRY cedex, FRANCE. (E-mail :
secre@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr)
This GSS is part of a random genomic sequencing program of thirteen
Yeast species: Saccharomyces bayanus var. uvarum, Saccharomyces
exiguus, Saccharomyces bayanus var. uvarum, Saccharomyces
kluverii, Kluveromyces thermotolerans, Kluveromyces
lactis var. lactis, Kluveromyces marxianus var. marxianus, Pichia
anastasi, Debaryomyces hansenii var. hansenii, Pichia sorbitophila,
Candida tropicalis and Yarrowia lipolytica. Genomic inserts of 3 to
5 kb were prepared and both extremities were sequenced. See
keywords for description of this sequence and for the sequence of
the other extremity of this insert.
Location/Qualifiers

```

```

source
1. 911
/organism="Saccharomyces bayanus"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="CLB 533"
/variety="uvarum"
/db_xref="taxon:4931"
/clone="AS0AA012F12"
/clone_id="AS0AA"
/note="end : T3"
misc_feature
/note="similar to Saccharomyces cerevisiae ORF YOL130w [
AK1 ; divalent cation transporter ]"
/evvidence="not_experimental"

Query Match 5.3%; Score 187.2; DB 9; Length 911;
Beet Local Similarity 54.0%; Pred. No.7.8e-24;
Matches 443; Conservative 1; Mismatches 371; Indels 5; Gaps 3;

Oy      1192 TTTTGATGAATTTATGATTTATTTAGAGAAAGAAAGAGAGCTTATTTACAAACA 1251
Db      52 TTTCAAGCTTTTAAGATTTTAAAGAGAAAGAGAGAGTGTGTTGTTATGATGATTT 111
Oy      1252 AATGATGCTTAAATA-TTCTGCGATTTGATGATTTCAAAATCTTCCAAATAATA 1310
Db      112 AAAAAAGAAAAAGAGTTAATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 171
Oy      1311 CTACTAGTGTGATCTGCTGATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCTATCT 1370
Db      172 TTGGAGAGAGAGAAAGAAAGATTAAGTAAAGCAATTTAAAGGGGCGCAAAAAAT 231
Oy      1371 ATGGTGTGATGTGTGTGTCTAGTATGAGAGATTTAAATATCTCAAAAAATATTT 1430
Db      232 TTAGTAAAGCTTTTAAGATTTTGAATTTTAAAGTTTATTTATTTATTTATTTATTT 291
Oy      1431 TAAAGAAACATTTACAGATTTTGAATTTACTGAAATTTCTCATTTTCAAGAGAA 1490
Db      292 AAGGTTAAGATTTAAATTTAGATTTTGAAGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 351
Oy      1491 TTTATGATTTGAACATTTAAACACACACCTTCAAAATATGATGATCAATTTATCTTA 1550
Db      352 TAACTGAAAGAAAGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATGAGATG 411
Oy      1551 CTTCATCTACATCTTCTACTCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCT 1607
Db      412 TTTTGTGTAATAAAGTTTAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 471
Oy      1608 CAGAAATTTCTGATGAGATTTAATGAGAGATTTACTTACATGATGATTTTCACTTTTCCAT 1667
Db      472 CATATTTGATATAGAGAGATTTAATGATTTTGAATTTTGAATTTTGAATTTTGAATTT 531
Oy      1668 CTGATCAGAGAGAAATCTTATCTATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGAT 1727
Db      532 TAGAATTTGAGAAACGATATATCTATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 591
Oy      1728 CTGTTGAGATTTATTTAGAAATGTTGAAGAACTTGTGTTGATTTGATTTGATTTG 1787
Db      592 AGTTCTATGATTTGTTAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 651
Oy      1788 CTGATTCGAAAGTAAATGTTGCGCAAGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 1847
Db      652 CTGATGAGAGAAATCGTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 711
Oy      1848 ATATTCGATGAGAAATCTGTTGAAAGTTGATTTTAAAGTATTTATTTGTTT 1907
Db      712 ATATTTAGAGTCAAGAAATCTGTTGAAAGTATTTTAAAGTATTTATTTGTTT 770
Oy      1908 GTTTCATCTTTTGAAGCTGATTAAGATCTGAAGTATTTTGAAGCTGATTAAGTATTT 1967
Db      771 GTTTCACATTTGAAAGTATTAAGATCTGAAGTATTTTCTGAACTTATTAAGTATTT 830
Oy      1968 ATATTTGTTTTCATGATGATTTATTTAAGTTCATTT 2007

```

FEATURES

Db 831 ACATTGTTGTTAGATCTGCTTTTAACTTCATT 870

RESULT 7
LOCUS CNS06GM9 874 bp DNA linear GSS 30-NOV-2001
DEFINITION T3 end of clone AS0AA007H07 of library AS0AA from strain CLIB 533
ACCESSION AL398239
VERSION AL398239.1 GI:12151560
SOURCE GSS
ORGANISM Saccharomyces bayanus
Saccharomyces bayanus
Saccharomyces bayanus
Bukariyoti, Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes;
Saccharomycetales; Saccharomycetaceae; Saccharomycetes.
REFERENCE Souciet, J.L., Aigle, M., Artiguenave, F., Blandin, G.,
1 (bases 1 to 874)
Biolotin-Pukhara, M., Bon, E., Broctier, P., Casaregola, S.,
de-Montigny, J., Dujon, B., Durrens, P., Lepingle, A., Llorente, B.,
Malpertuy, A., Neuvéglise, C., Ozier-Kalogeropoulos, O., Potier, S.,
Saurin, M., Tekala, F., Toffano-Nioche, C., Wesolowski-Louvel, M.,
Wincker, P. and Weissenbach, J.
TITLE Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 1. A set of
yeast species for molecular evolution studies
JOURNAL FEMS Lett. 487 (1), 3-12 (2000)
MEDLINE 20584711
PUBMED 11152876
REFERENCE 2 (bases 1 to 874)
Bon, E., Neuvéglise, C., Casaregola, S., Artiguenave, F., Wincker, P.,
Aigle, M. and Durrens, P.
TITLE Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 5.
Saccharomyces bayanus var. uvarum
FEMS Lett. 487 (1), 37-41 (2000)
MEDLINE 20584715
PUBMED 11152880
REFERENCE 3 (bases 1 to 874)
Genoscope.
TITLE Direct Submission
Submitted (07-SEP-2000) Genoscope - Centre National de Séquençage,
2 rue Gaston Cremieux, CP 5706, 91057 EVRY cedex, FRANCE. [E-mail :
segref@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr]
COMMENT This GSS is part of a random genomic sequencing program of thirteen
yeast species: Saccharomyces bayanus var. uvarum, Saccharomyces
exiguus, Saccharomyces servazzii, Zygosaccharomyces rouxii,
Saccharomyces kluyveri, Kluyveromyces thermotolerans, Kluyveromyces
lactis var. lactis, Kluyveromyces marxianus var. marxianus, Pichia
angusta, Debaryomyces hansenii var. hansenii, Pichia sobriophila,
Candida tropicalis and Yarrowia lipolytica. Genomic inserts of 3 to
5 kb were prepared and both extremities were sequenced. See
keywords for description of this sequence and for the sequence of
the other extremity of this insert.
FEATURES
source
1. 874
/organism="Saccharomyces bayanus"
/mol_type="Genomic DNA"
/strain="CLIB 533"
/variety="uvarum"
/db_xref="taxon:4931"
/clone="AS0AA007H07"
/clone_11b="AS0AA"
/note="end : 73"
misc_feature
2. .>715
/note="similar to Saccharomyces cerevisiae ORF YOL130w [
ALR1, divalent cation transporter]"
/evidence="not_experimental"

Db 186 CACAACCAAGGGGGGATATGCAATTATCTTAGAGATATCAAGATCATTTGCTGACAA 245

RESULT 8
LOCUS CNS06GN7 911 bp DNA linear GSS 30-NOV-2001
DEFINITION T3 end of clone AS0AA005H07 of library AS0AA from strain CLIB 533
ACCESSION AL397913
VERSION AL397913.1 GI:12150952
SOURCE GSS
ORGANISM Saccharomyces bayanus
Saccharomyces bayanus
Saccharomyces bayanus
Bukariyoti, Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes;
Saccharomycetales; Saccharomycetaceae; Saccharomycetes.
REFERENCE Souciet, J.L., Aigle, M., Artiguenave, F., Blandin, G.,
1 (bases 1 to 911)
Biolotin-Pukhara, M., Bon, E., Broctier, P., Casaregola, S.,
de-Montigny, J., Dujon, B., Durrens, P., Lepingle, A., Llorente, B.,
Malpertuy, A., Neuvéglise, C., Ozier-Kalogeropoulos, O., Potier, S.,
Saurin, M., Tekala, F., Toffano-Nioche, C., Wesolowski-Louvel, M.,
Wincker, P. and Weissenbach, J.
TITLE Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 1. A set of
yeast species for molecular evolution studies
JOURNAL FEMS Lett. 487 (1), 3-12 (2000)
MEDLINE 20584711
PUBMED 11152876
REFERENCE 2 (bases 1 to 911)
Bon, E., Neuvéglise, C., Casaregola, S., Artiguenave, F., Wincker, P.,
Aigle, M. and Durrens, P.
TITLE Genomic exploration of the hemiascomycetous yeasts: 5.
Saccharomyces bayanus var. uvarum
FEMS Lett. 487 (1), 37-41 (2000)
MEDLINE 20584715
PUBMED 11152880
REFERENCE 3 (bases 1 to 911)
Genoscope.
TITLE Direct Submission
Submitted (07-SEP-2000) Genoscope - Centre National de Séquençage,
2 rue Gaston Cremieux, CP 5706, 91057 EVRY cedex, FRANCE. [E-mail :
segref@genoscope.cns.fr - Web : www.genoscope.cns.fr]
COMMENT This GSS is part of a random genomic sequencing program of thirteen
yeast species: Saccharomyces bayanus var. uvarum, Saccharomyces
exiguus, Saccharomyces servazzii, Zygosaccharomyces rouxii,
Saccharomyces kluyveri, Kluyveromyces thermotolerans, Kluyveromyces
lactis var. lactis, Kluyveromyces marxianus var. marxianus, Pichia
angusta, Debaryomyces hansenii var. hansenii, Pichia sobriophila,
Candida tropicalis and Yarrowia lipolytica. Genomic inserts of 3 to
5 kb were prepared and both extremities were sequenced. See

TITLE Aspergillus flavus expressed sequence tags for identification of genes with putative roles in aflatoxin contamination of crops

JOURNAL FEMS Microbiol. Lett. (2004) In press

COMMENT Contact: Yu J
Food and Feed Safety Research Unit
USDA/ARS, Southern Regional Research Center
1100 Robert E. Lee Boulevard, New Orleans, LA 70124, USA
Tel: 504 286 4405
Fax: 504 286 4419
Email: jiyu@arrrc.ars.usda.gov
Contact Dr. Yu at USDA/ARS SRRC (jiyu@arrrc.ars.usda.gov) for clone information
PCR Primers
FORWARD: M13P
BACKWARD: M13R
Seq primer: M13 Forward
POLYA-No.

FEATURES
source Location/Qualifiers
1..387
/organism="Aspergillus flavus"
/mol_type="mRNA"
/strain="NRRL 3357"
/db_xref="taxon:5059"
/clone="NAFE083"
/sex="asexual mycelia"
/cell_type="mycelia"
/dev_stage="developmental stages from 18 to 96 hours"
/lab_host="E. coli DH10B T1 resistant cells"
/clone_lib="Aspergillus flavus Normalized cDNA Expression library"
/note="Vector: pBluescript (SK+) (Stratagene), antibiotic selection marker: Carbenicillin; Site_1: NotI, at the 5 prime end; Site_2: EcoRI, at the 3 prime end; This normalized cDNA expression library was constructed using a mixture of mycelial cells grown under eight different medium conditions and harvested at 5 time points (18, 24, 48, 72, 96 hours). The poly-A sequence was trimmed off before ligating to vector."

ORIGIN

Query Match 4.6%; Score 163; DB 7; Length 387;
Best Local Similarity 64.4%; Pred. No. 2e-19;
Matches 244; Conservative 0; Mismatches 135; Indels 0; Gaps 0;

1776 GTACTGTCCTACTGATTCGAAATGTTGGCCAAAGCATTGGTATTCATCCTT 1835
8 GTTCTTCTCTACGATGCAAGATCCGATATGCCAAAGCCTTCGGGCTCAAGCGC 67

1836 TAACGTGAGATATTCGAATGCAAGAACTCGTGAAGAAAGTTGAATTATTAAGTT 1895
68 TCACGGCAGAGATATCATGATGCAAGAGCAAGGAGAAAGTTGAAGTTCGGAATT 127

1896 ATTATTTTGTGTTTCCATCTTTTGAAGCTGATTAAGAAATCTGAAGTTATTTGAAC 1955
128 ATTATTTTGTCAATATGACCTTCGACCAAGAACCAATATGTAAGATATCTGCAAC 187

1956 CGATAAATGTTATATGTTGTTTCCATGATGTAATTAAGTTCATTTTTCACCA 2015
188 CAGTGAATATGTAACGCTGCTGCTCCGGAAGAGCTCTGCTCCCTTCACCTTTTCAGA 247

2016 TTTTCATCCAGCAATGTTAGAGAAAGTTCGTAATGAGATTATGTCAGATTTA 2075
248 CACCTCACCCGGAGATGCGCGCGGCGAATCCGTAACTAATGACTACTTAATCTCA 307

2076 GTGCTGATGTTATGTTATGCTTATATGATGAATTAACGATGGTTTGGCCCCCGGA 2135
308 GTTTCGATGGAATGATGCGATTAATGATATGATATGATATGATATGATATGATATG 367

2136 TTCATGAATGAATATGA 2154
368 TCAGATCTATTTGAGATGA 386

RESULT 11
CF709049 771 bp mRNA linear EST 16-AUG-2004
LOCUS CCAGA79TR C.neoformans strain JEC21 Cryptococcus neoformans var.
DEFINITION CCAGA79TR C.neoformans strain JEC21 Cryptococcus neoformans var.
ACCESSION CCAGA79TR C.neoformans strain JEC21 Cryptococcus neoformans var.
VERSION CCAGA79TR C.neoformans strain JEC21 Cryptococcus neoformans var.
KEYWORDS CCAGA79TR C.neoformans strain JEC21 Cryptococcus neoformans var.
SOURCE CCAGA79TR C.neoformans strain JEC21 Cryptococcus neoformans var.

ORGANISM
Cryptococcus neoformans var. neoformans (Filobasidiella neoformans var. neoformans)
Eukaryota; Fungi; Basidiomycota; Hymenomycetes;
Heterobasidiomycetes; Tremellomycetidae; Tremellales; Tremellaceae;
Filobasidiella.
1 (bases 1 to 771)
Loftus, B.
End sequencing of clones from a full length enriched, normalized JEC21 cDNA library
Unpublished (2003)
Other ESTs: CCAGA79TR
Contact: Brendan Loftus
TIGR
Department of Eukaryotic Genomics, TIGR, 9712 Medical Center Drive, Rockville, MD 20850, USA
Tel: 301-838-3543
Fax: 301-838-0208
Email: crypt@tigr.org
Seq primer: TR.

FEATURES
source Location/Qualifiers
1..771
/organism="Cryptococcus neoformans var. neoformans"
/mol_type="mRNA"
/strain="JEC21"
/db_xref="taxon:40410"
/clone="CCAGA79"
/note="Vector: pCMVSPORT6; Site_1: NotI; EcoRV; The full length, normalized library was prepared from a variety of conditions using RNA provided by Joseph Heltman and Jennifer Lodge"

ORIGIN

Query Match 4.4%; Score 156.2; DB 7; Length 771;
Best Local Similarity 63.4%; Pred. No. 3.5e-18;
Matches 239; Conservative 0; Mismatches 138; Indels 0; Gaps 0;

1758 AAACCTGGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1817
395 AACCTGGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 454

1818 CATTGGTATTCATCTTTAACTGCTGAAGATATTCGAATGCAAGAACTCGTGAAGAAAG 1877
455 CGTTGGATCAACCTTTTGAACCAAGCAATCTTGTGAAGAGACTCGCGAAGAGA 514

1878 TTGAATATTTAAAGTATATTTTGTGTTTCCATCTTTTGAAGCTGATTAAGAAAT 1937
515 TTGAGTGTTCGAAACTCACTGCTGTTTGTTCGTTCAATGACAGAGACCAATTT 574

1938 CTGAAGATTTATTTGAACCGAATAATGTTATATGTTGTTTCCATGATGATATTTAA 1997
575 CCAAACTACTCTGAAACCTCTCAACATGATATATTTATTTCCGAAGAGGTACATAT 634

1998 CGTTCATTTTTCACCAATTTTCATCCAGCAAAATGTTAGAGAAAGTTCGTCATTTGA 2057
635 CTTTCCATTTCCAGAGTACTCTCAACCCCAAAAGTCCGCGCGGAATCAAGCACTTA 694

2058 GAGATTATGTCAGATTTAGTGTGATGTTGTTATGTTATGCTTATGATGAATTAACCG 2117
695 AAGACTACATTTCCGTGATCTGATGATCTCTTACGCCCTTATGATGATCAATCACCG 754

2118 ATGCTTTGCCCGCTG 2134
755 ATGCTTTGCCCGCTTG 771

[illegible][illegible]

Db	460	AAAGTACATATGATAGTACTGATTTAGTACCACTGAACCTAAATACGGCTTTGGGTA	519
QY	2847	TGAA	2850
Db	520	TGAA	523

RESULT 14	LOCUS	DEFINITION	SEQUENCE
AJ637812	763 bp	mRNA	linear
AJ637812	Mgc	<i>Mycosphaerella graminicola</i> cDNA clone mgc01d10f, mRNA	EST 05-MAY-2000

REFERENCE	1 (bases 1 to 763)
AUTHORS	Keon, J. P. R., Harereaves, J. A., Antoni, W. J. F. and Hammond-Kosack, K.
TITLE	Analysis of expressed sequence tags from the wheat fungal leaf blotch pathogen, <i>Mycosphaerella graminicola</i> (anamorph <i>Septoria tritici</i>).
JOURNAL	Fungal Genet. Biol. (2004) In press
COMMENT	Contact: Keon J

FEATURES	source
Location/Qualifiers	1..763
	/organism="Mycosphaerella graminicola"
	/mol_type="mRNA"
	/strain="Scit"
	/db_xref="taxon:54734"
	/clone="mgc01d10f"
	/clone_1b="Mgc"
	/note="Vector: pSPORT1; Library constructed from senescent wheat leaves 21-25 days after infection with Mycosphaerella graminicola exhibiting abundant hyphal growth and asexual sporulation"

Query Match	4.1%;	Score 143;	DB 1;	Length 763;
Best Local Similarity	56.0%;	Pred. No. 96-16;		
Matches 311;	Conservative 0;	Mismatches 240;	Indels 4;	Gaps 2;
Qy	1763	TGTTGGTAGATTGTACTTGTCTCTGATTCGGAATATGAAATGTTGGCCAAACATTT	1822	
Db	97	TGTTGGCTGGACATCTCAACCCGTCGAGAGAGATCTTTGCCATCTGCAGCGCTTC	156	
Qy	1823	GGTATTATCTCTTAACTGCTGAAATATTCGATGCAAGAACTCGTGAAGAACTTGA	1882	
Db	157	CGCGTCATCTTTTAACTCGAGAGATATACACGACGAGAAACAACGTGAAAAATCGAG	216	
Qy	1883	TTAATTTAAAAGTTAATTTATTTGTTGTTCCATCTTT--TGAAGCTGATTAAGAATCT	1933	
Db	217	CTGTTCAAGAGCTACTACTTCTCTGCTCCGCAAGCTTCAATGCGTGGACAAAGAAAGC	276	
Qy	1940	GAAGTATATTGAAACCGATTAATGTTATATTTGTTTTCATGATGATATTAACG	1999	
Db	277	GAGGACTACCTGGAGCCAAATTAACTTAACGCCGTCCTTCGCGAAGGTCCTGCTACG	336	
Qy	2000	TTCCATTTTTTACCAATTTCTCATCGAGCAATGTAGAAGAAAGTTGCTCAATTGAGA	2055	
Db	337	TTTCTCTTCTGCCAGAACCAACGCGCTGCACAGTTCGCAAGCGTATCGGTGCTTTGGC	396	

Accession	Sequence	Position
Oy	2060 GATTATATCGAATGTTAGTGCATTTGGTATAGTATACCTTAATCGATGAATAATACGAT	2119
Db	397 GATTACGTCAACCTTTGCCGGATGGGTT-TGTTACGCTCTCATCGATGAGATGATGGAC	455
Oy	2120 GGTTTTGGCCCCCGTGATTCATGAAATTGATATGAAGTATGCCATTGAAGATGCCGTT	2179
Db	456 TCCTTCGGTCCCGTACTCGAGGAGACTCGAGCGCAGACCGACAAGATCGAAGACTCCGTC	515
Oy	2180 TTCACTGCTAGAGATACGATTTTATAGTATGTTACCAAGAAATTGGTGAATCAAGAAGA	2239
Db	516 TTCACTGCGCGCTTCGAGGACTCTCGTGATATGCTCAAGCAAAATTGGGAATGCCGCAAG	575
Oy	2240 AAAGTCATGACTTTAATGAGATTATATCAGGTAAAGCTGATGTCATTAAATGTTTGC	2299
Db	576 AAGATCATGGGCGCTCTCGCTCTTCTGGGGGCAAGCTGATGTCATCAAGAGTTTGGC	635
Oy	2300 AAAAGATGTCAGAA	2314
Db	636 AAGAAGTCGAAATGA	650

RESULT 15	
BM266292	
LOCUS	614 bp
DEFINITION	mRNA linear EST 18-DEC-2001
	V58 cDNA library of Tuber borchii vegetative mycelium grown on MMNNA
	liquid medium Tuber borchii cDNA 5' similar to hypothetical
	protein, mRNA sequence.

ORIGIN			
Query Match	4.0%	Score 141.2;	DB 4; Length 614;
Best Local Similarity	59.0%	Pred. No. 1.9e-15;	
Matches 242; Conservative	0;	Mismatches 168;	Indels 0; Gaps 0;


```
Qy 1643 CCTGATGATTTTCACCTTTCCATTCGATCAGAGAACTATTCATGCCCCGATATT 1702
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 199 CCGACCGATTTTGAATTTCTTCATCCGAGGGTGAOGCAAGATCCAGCTCCGAGATT 258
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Qy 1703 CCATCATTAGATACCCAGTCAATCTGTTGAGATTATTAGAAATGTGAAGAACT 1762
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 259 GCGACCTCCCTATGCGATGATGAGAAATTCACGACCTCTCCGGGGTGGCAAGTGTG 318
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Qy 1763 TGGTGGTTAGATGTTGACTTGTCTACTGATTCGGAATGAAATGTGGCCAAAGCATTT 1822
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 319 TGGTGGTTGAGATGTTACATCTACTGAGAAATGGCTATGCTCATGAAAGCTTTT 378
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Qy 1823 GGTATTCATCCTTTAACTGCTGAGATATTCGATGCAAGAACTCGTGAAGAAAGTTGAA 1882
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 379 GCATTCACCCCTTGAACCGCGAGATATTGGGTTCAAGAGAACCCGAGAGAAAGTTGAA 438
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Qy 1883 TTATTTAAAGTTATTTATTTTGTGTTTCCATTCCTTTGAAGCTGATPAAAGATCTGAA 1942
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 439 CTTTCCCGTCACTATTTTGTATGTGCTCCGCTCTTTTGTGCAAAATPAGAAATTCGCCA 498
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Qy 1943 GATTATTTAGAACCGATAATGTTATATGTTGTTTCCATGATGATATTTAAGTTTC 2002
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 499 GATTTCATGAAACCGTAAATGTATGTTATGCTTTTCGCGAGGGGTGTGAGCTTC 558
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Qy 2003 CATTTCACCAATTTCTCATCCAGCAATGTTAGAGAGAGTTCGTCA 2052
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
Db 559 CACTTTCACCTTGCCCGCACAGTCCCAAGTTAGAGAACGGATTAGGCA 608
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
```

Search completed: April 14, 2005, 22:05:42
Job time : 10852 secs

THIS PAGE BLANK (USPTO)

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: April 14, 2005, 13:38:30 ; Search time 14937 Seconds
(without alignments)

11435.003 Million cell updates/sec

Title: US-10-018-105-3
Perfect score: 3525
Sequence: 1 tatataataataataata.....tcaattatcaatattgc 3525

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 4708233 seqs, 24227607955 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 9416466

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :

GenEmbl:*
1: gb_ba:*
2: gb_hcg:*
3: gb_in:*
4: gb_com:*
5: gb_ov:*
6: gb_pac:*
7: gb_ph:*
8: gb_pl:*
9: gb_pr:*
10: gb_ro:*
11: gb_ets:*
12: gb_ey:*
13: gb_un:*
14: gb_vl:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	length	DB ID	Description
1	3523	99.9	3525	6	BD273775 Identific
2	3523	99.9	3525	6	AX046919 Sequence
3	2769	78.6	2769	6	AX489375 Sequence
4	2155.2	61.1	2358	6	AR551197 Sequence
5	581	16.5	110000	8	CR382138_14
6	423.8	12.0	507	6	AR551196 Sequence
7	396	11.2	2580	8	AY692762 Saccharom
8	396	11.2	4202	8	SCYO1130W
9	396	11.2	13421	8	SCU41293
10	385	10.9	110000	8	CR380951_1
11	383	10.9	270148	8	YSCCHRVIN
12	376	10.7	110000	8	CR382125_06
13	373.6	10.6	110000	8	AE016817_03
14	263.8	7.5	684	6	CQ446161
15	252.4	7.2	35030	8	SP8C27B12
16	252.4	7.2	38000	8	AB004539
17	252.4	7.2	38911	8	AB004538
18	215	6.1	110000	8	CR382130_00
19	191.2	5.4	43880	8	SPAC17G6

20	190.8	5.4	110000	8	CR382131_00	CR382131 Yarrowia
21	176.8	5.0	875	11	CNS06F3M	AL395912 T7 end of
22	172.4	4.9	163843	5	BX510939	BX510939 Zebrafish
23	172.4	4.9	211113	2	CR391962	CR391962 Danio rer
24	169.8	4.8	110000	8	CR380959_12	Continuation (13 o
25	168.2	4.8	537	6	AB5407	AB5407 Sequence 66
26	168.2	4.8	537	6	AB5407	AB5407 Sequence 66
27	168.2	4.8	537	6	AB5407	AB5407 Sequence 66
28	150.6	4.3	110000	8	CR382137_08	Continuation (9 of
29	149	4.2	94534	5	AL929250	AL929250 Zebrafish
30	145.4	4.1	173019	5	BX321884	BX321884 Zebrafish
31	145	4.1	238084	2	BX950172	BX950172 Danio rer
32	144	4.1	34347	2	BX950172	BX950172 Danio rer
33	142.8	4.1	155204	2	AC007926	AC007926 Trypanoso
34	142	4.0	177575	5	AL953867	AL953867 Zebrafish
35	141.8	4.0	143342	2	CR388191	CR388191 Danio rer
36	140.2	4.0	145306	2	BX899179	BX899179 Danio rer
37	140.2	4.0	145553	5	AL935272	AL935272 Zebrafish
38	138.2	3.9	154071	3	AC115598	AC115598 Dictyoste
39	130.2	3.7	115990	5	BX890614	BX890614 Zebrafish
40	127.6	3.6	203127	5	BX322566	BX322566 Zebrafish
41	127.4	3.6	3957	8	SCYK1064W	Z28064 S.cerevisia
42	127.4	3.6	28600	8	SCYK1064W	X75781 S.cerevisia
43	126.2	3.6	100893	8	CR380959_13	Continuation (14 o
44	126.2	3.6	146415	5	AL929469	AL929469 Zebrafish
45	126.2	3.6	170800	2	CR352223	CR352223 Danio rer

ALIGNMENTS

RESULT 1	BD273775	3525 bp	DNA	linear	PAT 17-JUL-2003
LOCUS	BD273775	Identification of candida albicans essential fungal specific genes			
DEFINITION	BD273775	and use thereof in antifungal drug discovery.			
ACCESSION	BD273775.1	GI:33083543			
VERSION	BD273775				
KEYWORDS	JP 2002543799-A/2.				
SOURCE	Candida albicans				
ORGANISM	Candida albicans				
REFERENCE	Roemer T., Bussey H. and Davison J.				
AUTHORS	Identificaiton of candida albicans essential fungal specific genes				
TITLE	and use thereof in antifungal drug discovery				
JOURNAL	Patent: JP 2002543799-A 2 24-DEC-2002;				
COMMENT	MCGILL UNIVERSITY				
OS	Candida albicans				
PN	JP 2002543799-A/2				
PD	24-DEC-2002				
PF	05-MAY-2000 JP 2000616385				
PR	05-MAY-1999 US 60/132878				
PI	TERRY ROEMER, HOWARD BUSSEY, JOHN DAVISON				
PC	CI2N15/09, CO7K14/40, CO7K16/14, CI2Q1/68, GO1N33/15, GO1N33/50, PC				
GO1N33/569.					
PC	CI2N15/00				
CC	Identification of candida albicans essential fungal specific				
CC	genes and use				
CC	thereof in antifungal drug discovery				
FH	Location/Qualifiers				
FT	CDS (338)..(3103).				
FEATURES	Location/Qualifiers				
source	1..3525				
	/organism="Candida albicans"				
	/mol_type="genomic DNA"				
	/db_xref="taxon:5476"				
ORIGIN					
Query Match	99.9% ; Score 3523 ; DB 6 ; Length 3525 ;				
Best Local Similarity	100.0% ; Pred. No. 0 ;				
Matches 3525 ; Conservative	0 ; Mismatches 0 ; Indels 0 ; Gaps 0 ;				

[illegible][illegible]

```

Db      2161 TCCCAATGAAGATGCGGTTTCACTGCTAGAGATACGATTTAGTAGATGTATACAAAG 2220
Qy      2221 AATTGGTGAATCAAGAAAGAAAGTCACTGCTTAATGAGATATATACGATTAAGCTTA 2280
Db      2221 AATTGGTGAATCAAGAAAGAAAGTCACTTAAAGATATATACGATTAAGCTTA 2280
Qy      2281 TGTCAATTAATGTTTGTCTAAAGATGTCAAGAAAGCTAATCTTCTTGTGTTATTA 2340
Db      2281 TGTCAATTAATGTTTGTCTAAAGATGTCAAGAAAGCTAATCTTCTTGTGTTATTA 2340
Qy      2341 TCAAGCTCAATATTAATCTTAACAACAACAAGAGGCCCAACAACAACAATATCC 2400
Db      2341 TCAAGCTCAATATTAATCTTAACAACAACAAGAGGCCCAACAACAACAATATCC 2400
Qy      2401 TATATATCTTCAACCAATTAATTTCAACTTGAATCTTAAATAGTTTGAACCTTCA 2460
Db      2401 TATATATCTTCAACCAATTAATTTCAACTTGAATCTTAAATAGTTTGAACCTTCA 2460
Qy      2461 TGAAGAGTAGAGAGTAGAGAGATTAATTTGGTCCCAATCCAACTGAAATTAATCTAA 2520
Db      2461 TGAAGAGTAGAGAGTAGAGAGATTAATTTGGTCCCAATCCAACTGAAATTAATCTAA 2520
Qy      2521 TACTAATATCTTAATCTACTGTTTCACTTCACTCACTCAACAACAACAATGTTAT 2580
Db      2521 TACTAATATCTTAATCTACTGTTTCACTTCACTCACTCAACAACAACAATGTTAT 2580
Qy      2581 CACTAACAATCTTTTCCCATCCCGATGACGCTCAAGCTGATATTCATTAATTT 2640
Db      2581 CACTAACAATCTTTTCCCATCCCGATGACGCTCAAGCTGATATTCATTAATTT 2640
Qy      2641 AGGTGATATCAAGATCATATATACCAATGTTTCAAAATTTATTTAGCTTAAGAAAT 2700
Db      2641 AGGTGATATCAAGATCATATATACCAATGTTTCAAAATTTATTTAGCTTAAGAAAT 2700
Qy      2701 TTTTCACTGCTTCAATCAATTAATTTAGCTCAATTAACAAGTGAATCAATTCACA 2760
Db      2701 TTTTCACTGCTTCAATCAATTAATTTAGCTCAATTAACAAGTGAATCAATTCACA 2760
Qy      2761 TAAATTAATCAACCGAAATGTTTCTAATAATTTACTTGAATGGACAATGTTAGTTCAT 2820
Db      2761 TAAATTAATCAACCGAAATGTTTCTAATAATTTACTTGAATGGACAATGTTAGTTCAT 2820
Qy      2821 AAATTTAGCAGCGGACTTTTGTGTATGATGTAAGTCCCTGCTGAAGGTGTACCA 2880
Db      2821 AAATTTAGCAGCGGACTTTTGTGTATGATGTAAGTCCCTGCTGAAGGTGTACCA 2880
Qy      2881 TTTAGGTTGGTTTTCGAAATGTTGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2940
Db      2881 TTTAGGTTGGTTTTCGAAATGTTGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2940
Qy      2941 AATTGCTCAATGCTGTGTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3000
Db      2941 AATTGCTCAATGCTGTGTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3000
Qy      3001 TCGACCAATTTTAAATCAATTCACAGAAATCAATTAAGAAAGTTAGTTTAAAAAQA 3060
Db      3001 TCGACCAATTTTAAATCAATTCACAGAAATCAATTAAGAAAGTTAGTTTAAAAAQA 3060
Qy      3061 TGGTGTATTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3120
Db      3061 TGGTGTATTAATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3120
Qy      3121 ATGCCAGAGAGTTGAGTTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGT 3180
Db      3121 ATGCCAGAGAGTTGAGTTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGTGTTTGT 3180
Qy      3181 AACTAATCTTTTATGAAGTAAACAATAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3240
Db      3181 AACTAATCTTTTATGAAGTAAACAATAGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3240
Qy      3241 TTTAATATGTAATATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAAT 3300

```

```

Db      3241 TTTAATATGTAATATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAAT 3300
Qy      3301 TTTAATATGTAATATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAAT 3360
Db      3301 TTTAATATGTAATATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAAT 3360
Qy      3361 GTAAAGAAATTTTAAAGAAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3420
Db      3361 GTAAAGAAATTTTAAAGAAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3420
Qy      3421 GGGGGGGGAGAGAAAGGGGATATATATGCGATTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 3480
Db      3421 GGGGGGGGAGAGAAAGGGGATATATATGCGATTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 3480
Qy      3481 AAATTAATGTTATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3525
Db      3481 AAATTAATGTTATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3525

RESULT 2
AX046919
LOCUS      3525 bp      DNA      linear      PAT 15-DEC-2000
DEFINITION      Sequence 3 from Patent WO0068420.
ACCESSION      AX046919
VERSION      AX046919.1 GI:11876349
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
Candida albicans
Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes;
Saccharomycetales; mitosporic Saccharomycetales; Candida.

REFERENCE
1 Roemer, T., Buessey, H. and Davison, J.
AUTHORS      Identification of candida albicans essential fungal specific genes
TITLE      and use thereof in antifungal drug discovery
JOURNAL      Patent: WO 0068420-A 3 16-NOV-2000;
Mycoata Biosciences Inc. (CA)
FEATURES
source
1. 3525
/organism="Candida albicans"
/mol_type="unasigned DNA"
/db_xref="taxon:5476"
338. 3106
/note="unnamed protein product"
/codon_start=1
/transl_table=12
/db_xref="GI:11876350"
/translation="MSDSBYQNSTNQPIPRSDVLDHNRQITNDCAISDEDEL
ELKSLSEBVVSEKQOHOEITSDNAKPLTKSGSSIKKSNLTDKORINPMPLS
GGDDTINSGHKNRNNMSLRKDFYLNKNTDNTNNHTHAIPIPIPIPIITNAN
KSRKSGQENLPLIKKTKTIGKNNNNNNENDLVSMTQKNTDSEDITNTSTANMK
LGIGATTVGEGTATATATAAGRRSRSSIDSEADSHARSSEOTBEDVCFPVAG
DHIRVNGIDFDEIFREEREAVLQOMAKNLSRIDEFQNLKNTTSGASHRPY
HHHSNNKNNKNGDGGSMALKTPKXILKLTLSRFEFTHESSSEIEYLTKQ
OPPYKDOULSTSTSSGSGSQVFGKARISDGINSGSLPRFSLSESESTI
HAPDI.SLVSGQSVRLD.FRNGEETWMDCTCPTOSEMKMLAKAGIHLTLEDMO
ETREKEVELPKSYTCPTHTPEADKSEDTLEINVIYVTHGILTFHSPSHRPNV
RRRVRLDLYDVVASDMLCYALIDITGFAVHIGIEADAIEDAVFTAKDTPSS
MLORIGESRRKVMTLRSGRADYIKMFARKQOEANSSGYORQVNLQOOQOAP
PPPNNPITSPINSLTNLSLSTGSGVGINFGFPGNNATNTNTNTGSSSP
OOOQOOGITNKSFP.LPDARPRADIALYLGIDIDH.LITMPONLAYEKLPSRSHNVLA
OLQVESFNNSKNTTEMPSKITLIGTMLVPLINLVTLFGMNVAVPBGCTNLAMPFQIV
GVLIPTITGSP.FPAQMLKGLNLSLEGQNGNRPLFNHSSRSISLSLGLKGGKNSI
ISFNPKE"

ORIGIN
Query Match      99.9%; Score 3523; DB 6; Length 3525;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 3525; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy      1 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 60
Db      1 TATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 60

```


Db	2221	AATTGGTGAATCCAGAAAGAAAGTCATCATCTTAAATGAGATTATATACAGTAAAGCTGA	2280
OY	2281	TGTCATTTAAATGTTTGCTAAAGAGTGCAGAGAGACCTAATCTTCTTGCTATTA	2340
Db	2281	TGTCATTTAAATGTTTGCTAAAGAGTGCAGAGAGAGCTAATCTTCTTGCTATTA	2340
OY	2341	TCAAGCTCAATATATACCTTCAACAACAACAACAAGGCCACACACACACCTAATACC	2400
Db	2341	TCAAGCTCAATATATACCTTCAACAACAACAACAAGGCCACACACACACCTAATACC	2400
OY	2401	TATATTATCTTCAACCAATTAATTCGACTTGTAATCTTATAGTTAGGACCTTCAACTG	2460
Db	2401	TATATTATCTTCAACCAATTAATTCGACTTGTAATCTTATAGTTAGGACCTTCAACTG	2460
OY	2461	TGAGAGAGTAGAGTAGGAGGAAATTAATTTGGTCCCAATCCAACTGAAATTAATCTAA	2520
Db	2461	TGAGAGAGTAGAGTAGGAGGAAATTAATTTGGTCCCAATCCAACTGAAATTAATCTAA	2520
OY	2521	TACTATATCTAATATCTACTGGTTCACCTTCACCACTTAACAACAACAACAATGATAT	2580
Db	2521	TACTATATCTAATATCTACTGGTTCACCTTCACCACTTCMAACAACAACAATGATAT	2580
OY	2581	CACCTAACCAATCTTTCCCATCCCGAGTGAAGTCACCAAGAGCTGATATGCAATATATTT	2640
Db	2581	CACCTAACCAATCTTTCCCATCCCGAGTGAAGTCACCAAGAGCTGATATGCAATATATTT	2640
OY	2641	AGGTGATATTCAGAGTCAATATATATCAACCATGTTCAAAATTTATATAGCTATGAAAAAT	2700
Db	2641	AGGTGATATTCAGAGTCAATATATATCAACCATGTTCAAAATTTATATAGCTATGAAAAAT	2700
OY	2701	TTTCACTGCTGCACATTCAAATTAATTAAGTCTCAATTAACAAGTGAATCATTCATCCAA	2760
Db	2701	TTTCACTGCTGCACATTCAAATTAATTAAGTCTCAATTAACAAGTGAATCATTCATCCAA	2760
OY	2761	TAAATTAATTCACCGAAATGTTTTCGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2820
Db	2761	TAAATTAATTCACCGAAATGTTTTCGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2820
OY	2821	AAATTTAGTCAACGGGACTTTTGGTATGATATGTAAGAGTCCCTGGTGAAGTGTGACCAA	2880
Db	2821	AAATTTAGTCAACGGGACTTTTGGTATGATATGTAAGAGTCCCTGGTGAAGTGTGACCAA	2880
OY	2881	TTTAAGTTGGTTTTCCGAATTTGTTGAGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2940
Db	2881	TTTAAGTTGGTTTTCCGAATTTGTTGAGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	2940
OY	2941	AATTGCTCAATGCTGTGTTGAAAAATTTGAATTAATTCATTTGAAGACAAATTAATGTGTA	3000
Db	2941	AATTGCTCAATGCTGTGTTGAAAAATTTGAATTAATTCATTTGAAGACAAATTAATGTGTA	3000
OY	3001	TGCACCAATTTTAAATCATTCATCATCAAGAAAGTCAATTTGAAGTTAGGTTAAAAAAAACA	3060
Db	3001	TGCACCAATTTTAAATCATTCATCATCAAGAAAGTCAATTTGAAGTTAGGTTAAAAAAAACA	3060
OY	3061	TGCTGTGTAATTAATCAATTAATTAATTTAGTTCCCAATTAATGCAATTAAGAAATATCAAGAA	3120
Db	3061	TGCTGTGTAATTAATCAATTAATTAATTTAGTTCCCAATTAATGCAATTAAGAAATATCAAGAA	3120
OY	3121	ATGCCACAGAGTTGATGATGTTGTTTTTTTTTTTTTTTATATGTCATGATGAGGTTGATAT	3180
Db	3121	ATGCCACAGAGTTGATGATGTTGTTTTTTTTTTTTTTTATATGTCATGATGAGGTTGATAT	3180
OY	3181	ACATTAATCTTTTAAAGAAAGTAAACAATAGTAAATAGTAAATAGTCAATCAATCATCTA	3240
Db	3181	ACATTAATCTTTTAAAGAAAGTAAACAATAGTAAATAGTAAATAGTCAATCAATCATCTA	3240
OY	3241	TTTATTAATTTGTAATATATATGTAATCTTCTTGTATTTAGGAAAGAGTTATATTA	3300
Db	3241	TTTATTAATTTGTAATATATATGTAATCTTCTTGTATTTAGGAAAGAGTTATATTA	3300
OY	3301	TTTACTATAAACATTTATTTTAAAGAGTTGTTAAATTTGAAGATCAAAATTAATAGAT	3360
Db	3301	TTTACTATAAACATTTATTTTAAAGAGTTGTTAAATTTGAAGATCAAAATTAATAGAT	3360

Dd		3301	TTTTCCTAAAAACATTTTATTTTTTACGAGTGCGTTAAATTGGAGAGTCGAATAATTAATAGCAT	3360
Oy		3361	GTAAGAAGACGTTTTTAAGAAGCAATTAAGAAAATATATATATATACAGNGTTCATACGAA	3420
Dd		3361	GTAAGAAGACGTTTTTAAGAAGCAATTAAGAAAATATATATATATACAGNGTTCATACGAA	3420
Oy		3421	GGGGGGGGAAGAGAAAGGGGATATATATCCGCATTTGTGGTACTTTTGTTTTGAATA	3480
Dd		3421	GGGGGGGGAAGAGAAAGGGGATATATATCCGCATTTGTGGTACTTTTGTTTTGAATA	3480
Oy		3481	AAATATTAAGTTTATCTAATAATTATTAATCAATTATTAACAATATTGC	3525
Dd		3481	AAATATTAAGTTTATCTAATAATTATTAATCAATTATTAACAATATTGC	3525
RESULT 3				
LOCUS	AX489375		2769 bp	DNA
DEFINITION	Sequence 6675 from Patent WO02053728.			linear PAT 16-AUG-2002
ACCESSION	AX489375			
VERSION	AX489375.1			GI:22323387
KEYWORDS				
SOURCE	Candida albicans			
ORGANISM	Candida albicans Eukaryote; Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes; Saccharomycetales; mitosporic Saccharomycetales; Candida. Roemer,T., Jiang,B., Boone,C., Bussey,H. and Ohlsen,K.L. Gene disruption methodologies for drug target discovery Patent: WO 02053728-A 6675 11-JUN-2002; Elitra Pharmaceuticals, Inc. (US) Location/Qualifiers 1..2769 /organism="Candida albicans" /mol_type="unassigned DNA" /db_xref="taxon:5476"			
FEATURES	source			
ORIGIN				
	Query Match	78.6%	Score 2769;	DB 6; Length 2769;
	Best Local Similarity	100.0%;	Pred. No. 0;	
	Matches 2769;	Conservative 0;	Mismatches 0;	Indels 0; Gaps 0;
Oy		338	ATGCCCATAGTAGTAAGATTATTAACAATAATTCACATCTATATCAACCATTCCAGATCT	397
Dd		1	ATGCCCATAGTAGTAAGATTATTAACAATAATTCACATCTATATCAACCATTCCAGATCT	60
Oy		398	GATGAAGATTGGATGATCATAGAAATCAAATCACTAATGATTTGGCATTAGTATGAT	457
Dd		61	GATGAAGATTGGATGATCATAGAAATCAAATCACTAATGATTTGGCATTAGTATGAT	120
Oy		458	GAAATGATGGTGAATTAATAATCAGAAATTGAATCAGAAAGTTGTAAAAAGGCAAAAA	517
Dd		121	GAAATGATGGTGAATTAATAATCAGAAATTGAATCAGAAAGTTGTAAAAAGGCAAAAA	180
Oy		518	CAACAACATCATCAAGAGATTACATCGATATGCTAAACCATTTGACTCGTAATCTGGT	577
Dd		181	CAACAACATCATCAAGAGATTACATCGATATGCTAAACCATTTGACTCGTAATCTGGT	240
Oy		578	TCTTCATTAAGAAAAATCTAACCTTAACGATTAAGATTAAGATTAACCAACCTATGAT	637
Dd		241	TCTTCATTAAGAAAAATCTAACCTTAACGATTAAGATTAAGATTAACCAACCTATGAT	300
Oy		638	TTATCTGGTGGTGAATTAATTAATAAGATATATCTGACGCAATTCTTACTTAATATCAT	697
Dd		301	TTATCTGGTGGTGAATTAATTAATAAGATATATCTGACGCAATTCTTACTTAATATCAT	360
Oy		698	TCATTTAGCTAAAGATTTTATTAATAAGATATATCTGACGCAATTCTTACTTAATATCAT	757
Dd		361	TCATTTAGCTAAAGATTTTATTAATAAGATATATCTGACGCAATTCTTACTTAATATCAT	420
Oy		758	ACTCATCTGCAANTTCCAATTCCAATTCCAATTCGCAACCCCAATTAATTAATGATGAT	817
Dd		421	ACTCATCTGCAANTTCCAATTCCAATTCCAATTCGCAACCCCAATTAATTAATGATGAT	480

QY 818 AATCAAGAGAAAATCTCAATTGAAAATTTACCTCCATTAATTAAAAAGAAAACAAT 877
DB 481 AATCAAGAGAAAATCTCAATTGAAAATTTACCTCCATTAATTAAAAAGAAAACAAT 540
QY 878 GGTGCTAATTAATCTAATAATTTTGAAAATGATTTAGTTAGTCCATGCAAAAATGAAA 937
DB 541 GGTGCTAATTAATCTAATAATTTTGAAAATGATTTAGTTAGTCCATGCAAAAATGAAA 600
QY 938 ACTAATGATAGTGAAGATATTACTAATACAGACACTGCTAATCATATGAACTGGT 997
DB 601 ACTAATGATAGTGAAGATATTACTAATACAGACACTGCTAATCATATGAACTGGT 660
QY 998 ATTGGTGTACCAACCCCTGGTGTGGAATGGTACTACCGCACTGCCACTGCCCTGCT 1057
DB 661 ATTGGTGTACCAACCCCTGGTGTGGAATGGTACTACCGCACTGCCACTGCCCTGCT 720
QY 1058 GGTGCTGTGAGAAAGCAATCTGCTCATCTAATTGATAGTGAAGCTGATTTCTATGATCA 1117
DB 721 GGTGCTGTGAGAAAGCAATCTGCTCATCTAATTGATAGTGAAGCTGATTTCTATGATCA 780
QY 1118 AGATCATCTCAAGAACTGAAGAGATGTTGTTTCTATGCTGATGCTATGATTAAGA 1177
DB 781 AGATCATCTCAAGAACTGAAGAGATGTTGTTTCTATGCTGATGCTATGATTAAGA 840
QY 1178 GTTAATGGAATTTGATTTGATGAAAATGATGAATTTATTTAGAGAAAGAAAGAGAGCT 1237
DB 841 GTTAATGGAATTTGATTTGATGAAAATGATGAATTTATTTAGAGAAAGAAAGAGAGCT 900
QY 1238 TATTTTACAAAACAAATGATTTGCTAATAAATTTCTGCGATGATGAAATTTCAAAATCTT 1297
DB 901 TATTTTACAAAACAAATGATTTGCTAATAAATTTCTGCGATGATGAAATTTCAAAATCTT 960
QY 1298 TCCAAAATTAATACTACTAGTGTGATCTGCTCATCTCATCATCATCATCATCATCATCAT 1357
DB 961 TCCAAAATTAATACTACTAGTGTGATCTGCTCATCTCATCATCATCATCATCATCATCAT 1020
QY 1358 AATTAATAAATAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1417
DB 1021 AATTAATAAATAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1080
QY 1418 CCAAAAATTAATTAATGAAAACATTAATCAAGATTTGAAATTTTACATGAAAATTTCTTCA 1477
DB 1081 CCAAAAATTAATTAATGAAAACATTAATCAAGATTTGAAATTTTACATGAAAATTTCTTCA 1140
QY 1478 TCTTCAGAGAAATTTATGATTTGAAAGCTAATAACAACACCTTCAAAATATGATGAT 1537
DB 1141 TCTTCAGAGAAATTTATGATTTGAAAGCTAATAACAACACCTTCAAAATATGATGAT 1200
QY 1538 CAATTATCATTAATCTCATCTACATCTTCTACTCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGAT 1597
DB 1201 CAATTATCATTAATCTCATCTACATCTTCTACTCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGAT 1260
QY 1598 TTTGGTGAAGCAAGAAATTTCTGATGGGATTAATGAGGTTCAATACCTGATGATTTTCA 1657
DB 1261 TTTGGTGAAGCAAGAAATTTCTGATGGGATTAATGAGGTTCAATACCTGATGATTTTCA 1320
QY 1658 CTTTTCATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGAT 1717
DB 1321 CTTTTCATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGAT 1380
QY 1718 CCAAGTCAATCTGTTGAGATTTATTTAGAAAATGGTGAAGAACTTGGTGTGATGATGT 1777
DB 1381 CCAAGTCAATCTGTTGAGATTTATTTAGAAAATGGTGAAGAACTTGGTGTGATGATGT 1440
QY 1778 ACTTGTCTCACTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGAT 1837
DB 1441 ACTTGTCTCACTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGAT 1500
QY 1838 ACTGCTGAAGATATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGAT 1897
DB 1501 ACTGCTGAAGATATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGATCTGAT 1560

QY 1898 TATTTTGTGTTTCCATCTTTTGAAGCTGATAAGATCTGAAGATTTATTAGAACCG 1957
DB 1561 TATTTTGTGTTTCCATCTTTTGAAGCTGATAAGATCTGAAGATTTATTAGAACCG 1620
QY 1958 ATAAATGTTTATATGTTGTTTCCATGATGATATTAAGCTTCACTTTTCAACAAAT 2017
DB 1621 ATAAATGTTTATATGTTGTTTCCATGATGATATTAAGCTTCACTTTTCAACAAAT 1680
QY 2018 TCTCATCCAGCAAAATGTTAGAGAAAGAGTTGCTCAATTTAGAGATTTATGCGATTTAGT 2077
DB 1681 TCTCATCCAGCAAAATGTTAGAGAAAGAGTTGCTCAATTTAGAGATTTATGCGATTTAGT 1740
QY 2078 GCTGATGTTGTTATGTTATGCTTTATGATGATAATTTACCAGATGTTTGGCCCCGTGAT 2137
DB 1741 GCTGATGTTGTTATGTTATGCTTTATGATGATAATTTACCAGATGTTTGGCCCCGTGAT 1800
QY 2138 CATGGAATTTGAATTTGAAGCTGATGCCATGGAAGATGCCGTTTTCATGCTAGAGATCT 2197
DB 1801 CATGGAATTTGAATTTGAAGCTGATGCCATGGAAGATGCCGTTTTCATGCTAGAGATCT 1860
QY 2198 GATTTTATGATGTTTCAAAAGATTTGATGATCAAGAGAAAGTCAATGATGATTTAATG 2257
DB 1861 GATTTTATGATGTTTCAAAAGATTTGATGATCAAGAGAAAGTCAATGATGATTTAATG 1920
QY 2258 AGATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2317
DB 1921 AGATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980
QY 2318 GCTAATCTTCTGCTGTTTATTTATCAAGTCAATTAATCTTACCAACAACAACAAGCAG 2377
DB 1981 GCTAATCTTCTGCTGTTTATTTATCAAGTCAATTAATCTTACCAACAACAACAAGCAG 2040
QY 2378 GCCCACCACCAACCACTAATCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2437
DB 2041 GCCCACCACCAACCACTAATCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2100
QY 2438 AATAGTTTGAAGATTTCACTGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATTTAATTTTGTGCTCC 2497
DB 2101 AATAGTTTGAAGATTTCACTGATGAGAGATGAGAGATGAGAGATTTAATTTTGTGCTCC 2160
QY 2498 AATCCAACTGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2557
DB 2161 AATCCAACTGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2220
QY 2558 CAACAACAACAACAATGATGATCACTAACAATCTTTCCCATCCCGATGACAGTCA 2617
DB 2221 CAACAACAACAACAATGATGATCACTAACAATCTTTCCCATCCCGATGACAGTCA 2280
QY 2618 AGAGCTGATTTGCTAATTAATTTAGGTATTTCAAGATCATATATATATATATATATATATAT 2677
DB 2281 AGAGCTGATTTGCTAATTAATTTAGGTATTTCAAGATCATATATATATATATATATATATAT 2340
QY 2678 AATTTATGCTATGAAAATTTTTCAGTGTGCTCAATTCATTAATTTATTTAGTCAATTA 2737
DB 2341 AATTTATGCTATGAAAATTTTTCAGTGTGCTCAATTCATTAATTTATTTAGTCAATTA 2400
QY 2738 CAAGTTGATCATTAATTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTG 2797
DB 2401 CAAGTTGATCATTAATTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTG 2460
QY 2798 ATTGGAGCAATGTTAGTTCATTAATTTAGTCAAGGACCTTTTGGTATGATGATGATGATGAT 2857
DB 2461 ATTGGAGCAATGTTAGTTCATTAATTTAGTCAAGGACCTTTTGGTATGATGATGATGATGAT 2520
QY 2858 GTCCCTGTTGAAGGTTGATCAATTTAGTGTGTTTTCGGAATTTGTTGAGATTAATA 2917
DB 2521 GTCCCTGTTGAAGGTTGATCAATTTAGTGTGTTTTCGGAATTTGTTGAGATTAATA 2580
QY 2918 TTTATTAATTTATGATCAATTTATATTTGCTCAATGTTGTTGAATTAATTAATTAATTAATTA 2977
DB 2581 TTTATTAATTTATGATCAATTTATATTTGCTCAATGTTGTTGAATTAATTAATTAATTAATTA 2640
QY 2978 ATTGAAGCAAAAATTAATGTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3037

|||||
Db 2641 ATTGAAGACAAAATATGATATGACCAATTTTAACTCAATCAAGAGACAAAT 2700
Oy 3038 AGAGTTAGGTTTAAACATGCTGTATTAATCAATTAATAGTTTCCCAATAA 3097
Db 2701 AGAGTTAGGTTTAAACATGCTGTATTAATCAATTAATAGTTTCCCAATAA 2760
Oy 3098 TATGATATA 3106
Db 2761 TATGATATA 2769

RESULT 4
ARS51197 2358 bp DNA linear PAT 08-OCT-2004
LOCUS Sequence 6328 from patent US 6747137.
ACCESSION ARS51197
VERSION ARS51197.1 GI:53944372
KEYWORDS
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unknown.
REFERENCE 1 (bases 1 to 2358)
AUTHORS Weinstein,K.G. and Bush,D.
TITLE Nucleic acid sequences relating to Candida albicans for diagnostics and therapeutics
JOURNAL Patent: US 6747137-A 6328 08-JUN-2004;
FEATURES
SOURCE Location/Qualifiers
1..2358
/organism="unknown"
/mol_type="genomic DNA"

ORIGIN
Query Match 61.1%; Score 2155.2; DB 6; Length 2358;
Best Local Similarity 97.2%; Pred.No. 4e-292;
Matches 2293; Conservative 0; Mismatches 23; Indels 44; Gaps 8;

Oy 285 ATAAATATAATTAAGATATATCTCCCTTTGTTTTTTTTTTTCTCCAGGCATGTCG 344
Db 1 ATAAATATAATTAAGATATATCTCCCTTTG--TTTTTTTCTTCCAGGCATGTCG 58
Oy 345 ATAGTGAAGTTATATCAAAATCACTACTATCAACTATTCCTAGATCGATGAG 404
Db 59 ATAGTGAAGTTATATCAAAATCACTACTATCAACTATTCCTAGATCGATGAG 118
Oy 405 TATTGATGATCATGAATCAATCACTAATGATGTCCTTACTGATAGTGAAGTG 464
Db 119 TATTGATGATCATGAATCAATCACTAATGATGTCCTTACTGATAGTGAAGTG 178
Oy 465 AGTTGGAATTAATCAGATTAAGATGAGAGTTGTAAGGAGAA----- 512
Db 179 AGTTGGAATTAATCAGATTAAGATGAGAGTTGTAAGGAGAGAA----- 512
Oy 513 AACACCAACATCATCAAGAGATTACATGATGCTAAACCATTCGTAAT 572
Db 239 AACACCAACATCATCAAGAGATTACATGATGCTAAACCATTCGTAAT 298
Oy 573 CTGTTCTTCAATTAAGAAAAATCTAATCTTACCGATTAAGATGAATTACCAACCTA 632
Db 299 CTGTTCTTCAATTAAGAAAAATCTAATCTTACCGATTAAGATGAATTACCAACCTA 358
Oy 633 TGAGTTTATCGGTGTGATGATGATTAACAGGGGTCAAGAAATGATTTAATA 692
Db 359 TGAGTTTATCGGTGTGATGATGATTAACAGGGGTCAAGAAATGATTTAATA 418
Oy 693 TGAGTTCAATTCGTAAGATTTTATTAAGATTAATCTGACGACAAATTCCTAATA 752
Db 419 TGAGTTCAATTCGTAAGATTTTATTAAGATTAATCTGACGACAAATTCCTAATA 478
Oy 753 ATCATATCATCTTTCGATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAAT 812
Db 479 ATCATATCATCTTTCGATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAAT 538

Oy 813 CTAAATAATCAAGAAAAATCTCAATTCGAAATTTTACTTCATTAATTAAGAAAA 872
Db 539 CTAAATAATCAAGAAAAATCTCAATTCGAAATTTTACTTCATTAATTAAGAAAA 598
Oy 873 CAATTGCTGTAATTAATCTTAATTAATTTTGAATTTGATAGTCCCAAGAAAA 932
Db 599 CTATTGGTGTAAATTAATTAATTAATTTTGAATTTGATAGTCCCAAGAAAA 658
Oy 933 TGAATACTAATGATAGTAAGATTAATTAATTTTACTAGACCACTCTAATCATATGA 989
Db 659 TGAATACTAATGATAGTAAGATTAATTAATTTTACTAGACCACTCTAATCATATGA 718
Oy 990 AACTGTGATTTGCTGTAACAACCTTGTGTGAACCTGTAACCCCACTGCCACTG 1049
Db 719 AACTGTGATTTGCTGTAACAACCTTGTGTGAACCTGTAACCCCACTGCCACTG 778
Oy 1050 CCACTGCTGCTGC-----TGTGTAAGAACCATCTCTGTTCAATTTGATAGTGAAG 1100
Db 779 CCACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 838
Oy 1101 CTGATTTCTCATGATCAAGATCATCTCAAGAACTGAAGAGATGTTGTTTCTATG 1160
Db 839 CTGATTTCTCATGATCAAGATCATCTCAAGAACTGAAGAGATGTTGTTTCTATG 898
Oy 1161 TTGCTGATCATATTAGAGTTAATGGAATTTGATGAATTTGATGAATTTATTAAG 1220
Db 899 TTGCTGATCATATTAGAGTTAATGGAATTTGATGAATTTGATGAATTTATTAAG 958
Oy 1221 AAGAAAGAAAGAACTTTATTAAGAAAGAAAGATTTGCTGCTATG 1280
Db 959 AAGAAAGAAAGAACTTTATTAAGAAAGAAAGATTTGCTGCTATG 1018
Oy 1281 ATGAATTTCAAAATCTTCCAAAATTAATCTAGTGTGATCTGCTGATCATATC 1340
Db 1019 ATGAATTTCAAAATCTTCCAAAATTAATCTAGTGTGATCTGCTGATCATATC 1078
Oy 1341 ATCATCAAGTAAATTAATTAAGAAATTAATGCTGTATG--GTGCTGTTCTAGTA 1397
Db 1079 ATCATCAAGTAAATTAATTAAGAAATTAATGCTGTATG--GTGCTGTTCTAGTA 1138
Oy 1398 TGGCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1457
Db 1139 TGGCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1198
Oy 1458 TTAATCAAGAAATTTCTCATCTTCAAGAAATTTAATTAATTAATTAATTAAT 1517
Db 1199 TTAATCAAGAAATTTCTCATCTTCAAGAAATTTAATTAATTAATTAATTAAT 1258
Oy 1518 CACCTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1571
Db 1259 CACCTTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1318
Oy 1572 CTGATCTGATCTGGGCAAGTAAATTTGAGCAAGAAATTTCTGATGGATTAATG 1631
Db 1319 CTGATCTGATCTGGGCAAGTAAATTTGAGCAAGAAATTTCTGATGGATTAATG 1378
Oy 1632 GAGGTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1691
Db 1379 GAGGTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1438
Oy 1692 CCCCCGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1751
Db 1439 CCCCCGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1498
Oy 1752 GTGAAGAAATTTGCTGTAAGATTTTCTGCTCTGATTTGGAATGAAGATTTGG 1811
Db 1499 GTGAAGAAATTTGCTGTAAGATTTTCTGCTCTGATTTGGAATGAAGATTTGG 1558
Oy 1812 CCAAGCAATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1871
Db 1559 CCAAGCAATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1618
Oy 1872 AAAAGTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1931

```

Db      1619  AAAAGTGAATATATTAAGATATATTTGTTGTTTCATCTTTGAAGCTGATA 1678
Qy      1932  AAGATCTGAAGATATATTAGAACGATTAATGTTTATGTTTTCATGATGTA 1991
Db      1679  AAGATCTGAAGATATATTAGAACGATTAATGTTTATGTTTTCATGATGTA 1738
Qy      1992  TATTAAGCTTCATTTTCAACCAATTTCTCATCGAACAAATGTTAGAAAGTTCGTC 2051
Db      1729  TATTAAGCTTCATTTTCAACCAATTTCTCATCGAACAAATGTTAGAAAGTTCGTC 1798
Qy      2052  AATTAGAGATTAATGTCATGTTAGTGTGATTTGTTATGTTATGCTTAATCATGAAA 2111
Db      1799  AATTAGAGATTAATGTCATGTTAGTGTGATTTGTTATGTTATGCTTAATCATGAAA 1858
Qy      2112  TTACCGATGTTTTCCTCCCGGATTCATGAAATGAATATGAAGCTGATGCAAG 2171
Db      1859  TTACCGATGTTTTCCTCCCGGATTCATGAAATGAATATGAAGCTGATGCAAG 1918
Qy      2172  ATGCGGTTTCACTGCTAGAGATGATTTTATGTTATGTTACAAAGAAATGTTGAAT 2231
Db      1919  ATGCGGTTTCACTGCTAGAGATGATTTTATGTTATGTTACAAAGAAATGTTGAAT 1978
Qy      2232  CAAGAAGAAAGTCTATGATTTTATGATTAATATGAGTAAAGCTGATGCTTAA 2291
Db      1979  CAAGAAGAAAGTCTATGATTTTATGATTAATATGAGTAAAGCTGATGCTTAA 2038
Qy      2292  TGTGTTGTTAAAGATGTCAGAAAGAGCTAATTTCTTCTGTTTATTAATCAAGCTCAT 2351
Db      2039  TGTGTTGTTAAAGATGTCAGAAAGAGCTAATTTCTTCTGTTTATTAATCAAGCTCAT 2098
Qy      2352  ATAACTTAACAACAACAACAACA-----GGCCCAACAACAACAACAACAACAACA 2405
Db      2099  ATAACTTAACAACAACAACAACAACAAGCCCAACAACAACAACAACAACAACAACA 2158
Qy      2406  TTACTTCAACCAATTAATTCATTTGATCTTAATATGTTTAAAGAACTTCAACTGGTGAG 2465
Db      2159  TTACTTCAACCAATTAATTCATTTGATCTTAATATGTTTAAAGAACTTCAACTGGTGAG 2218
Qy      2466  GAGTGAAGTGAAGAAATTAATTTTGGTCCCAATCCAACTGGAATTAATTAATACGA 2525
Db      2219  GAGTGAAGTGAAGAAATTAATTTTGGTCCCAATCCAACTGGAATTAATTAATACGA 2278
Qy      2526  ATACTTAATTAATCTGTTTCACTTCAACAACCTTCAACAACAACAACAACAACA 2585
Db      2279  ATACTTAATTAATCTGTTTCACTTCAACAACCTTCAACAACAACAACAACAACA 2335
Qy      2586  ACAAATCTTTTCCCAATCCCC 2605
Db      2336  ACAAATCTTTTCCCAATCCCC 2355

```

RESULT 5

CR382138_14/c

WPCOMMENT

Sequence split into 24 fragments LOCUS CR382138 Accession CR382138

Fragment Name	Begin	End
CR382138_00	1	110000
CR382138_01	100001	210000
CR382138_02	200001	310000
CR382138_03	300001	410000
CR382138_04	400001	510000
CR382138_05	500001	610000
CR382138_06	600001	710000
CR382138_07	700001	810000
CR382138_08	800001	910000
CR382138_09	900001	1010000
CR382138_10	1000001	1110000
CR382138_11	1100001	1210000
CR382138_12	1200001	1310000
CR382138_13	1300001	1410000
CR382138_14	1400001	1510000
CR382138_15	1500001	1610000

```

CR382138_16 1600001 1710000
CR382138_17 1700001 1810000
CR382138_18 1800001 1910000
CR382138_19 1900001 2010000
CR382138_20 2000001 2110000
CR382138_21 2100001 2210000
CR382138_22 2200001 2310000
CR382138_23 2300001 2336804
Continuation (15 of 24) of CR382138 from base 1400001 (CR382138 Debaromyces hansenii chi

Query Match 16.5%; Score 581; DB 8; Length 110000;
Best Local Similarity 58.1%; Pred. No. 1.9e-72;
Matches 1348; Conservative 0; Mismatches 815; Indels 158; Gaps 12;

Qy 1067 AGAAGACCATCTCGTTCATCTATGATATGTAAGCTGATTCATGATCAAGATCATCT 1126
Db 14194 AGAAGACCATCTCGTTCATCTATGATATGTAAGCTGATTCATGATCAAGATCATCT 14135
Qy 1127 CAAGAACTGAAGAAAGATGTTGTTTCTTAATGTTGTTGATCATATTTAGATTAA 1186
Db 14134 CAGGAGACAGAAAGAAAGTGTGCTTCTTAATGTTGCTGAACAAGTGTGTTAAGGCT 14075
Qy 1187 ATTGATTTGATGAATGATGAATTTATAGAG--AGAAAGAGAAAGATTTTAC 1244
Db 14074 ATTGATTTGATGAATGATGAATTTATAGAGTTTAAATGATTTA 14015
Qy 1245 AAAACAATGATGCTAATAAATATTCGCTATGATGAATTTCAAAATCTTCCAAA 1304
Db 14014 AAAAGAGAAACAAGATGATGTCAGAAAGAAACAGCATGAGGCT-----TGATCTGAC 13960
Qy 1305 ATAACTACTAGTGTGATCTGTCATCATATCATATCATATCAAGTAATAATAA 1364
Db 13959 ATGGAGTGCAGCGATGATAGTGC--CAAGTAAATGCTTGAATATATCTCCGCAAC 13901
Qy 1365 AAAATTAAGTGTGATGATGTTGTTTCTATAGCCAGCAATTAAATATCTCCAAA 1424
Db 13900 ATATTAGAAAGCTTCGTTGGAAGTTGTGTGAAGAAATTAATGATGAGGCAATA 13841
Qy 1425 ATATTTAAGAAACATTTATCAAGATTTGAATTTACTCATGAATTTCTCATCTGAG 1484
Db 13840 ATGCTTCATCTGATTAAT--ATTTCGAGAGGCGCAATCAGATTTCTTACCGTTA 13783
Qy 1485 AAGAAATTAATGAATGGAAGCTAAACAACAACAACCTTAACAATATGATGATCAATTAT 1544
Db 13782 CAGATGATTCCTGCTCTGAGATGATCAACAAGAAAGATTTGGAGACATATATTTGCA 13723
Qy 1545 CATTAACCTTCAATCAATCTTCTACTTCTGATCTGATCTGAGTCTGGAGAGTGAATTTGGTG 1604
Db 13722 CCGAAA-----ATGTTAAGTTTGGTG 13702
Qy 1605 GAGCAAGATTTCTGATGGAATTAATGAGGTTCTATCTAGATGATTTTCACTTTCC 1664
Db 13701 GTACAGAAATCAACA-----TAATGTTGGGATTTGCCGAAAGTTTTCATTTCTTT 13648
Qy 1665 ATTGGAATCAAGAAACATAATTCATGCCCCGATATTCATCATTTAGATGACAGGTC 1724
Db 13647 GTTCCGATCAGAAAGAAACAATATCATGCTCTGATATCTTCTGTTGTTCAAACTCGGCG 13588
Qy 1725 AATCTGTCAGATTTATTTAGAAATGTTGAAGAAACCTTGGTGTATATTTGATCTTCTC 1784
Db 13587 AGAGTGAAGGATTTGTTTGAAGAAATGTTGAAGTACATGTTGCTTATTTGTTTCC 13528
Qy 1785 CTACTGATTCGGAATGAAGAAATGTTGGCAAGCAATTTGATTCATCTTTAACTGCTG 1844
Db 13527 CTACTGATTCGGAATGAAGAAATGTTGGCTAAGCAATTTGATTCATCTTTGACAGCTG 13468
Qy 1845 AAGATATTGAATCAAGAAACCTGCTGAAGAAAGTTGAATTTAAAGTTATTTTGG 1904
Db 13467 AAGATATTGATCAAGAAACCGTGAAGAAAGTGAATTTATGCAAGAACTATTTTGG 13408
Qy 1905 TTTGTTTCCATCTTTTGAAGCTGATTAAGAAATGGAAGATTTATTTAGAACCGATTAATG 1964
Db 13407 TTTGTTTCCATCTTTTGAAGGATGATCAGAAATTAATTTAGAGCCGATTAATCT 13348

```

QY 1965 TTTATATGTTGTTTCCATGATGATATTAACGTTCCATTTTTCACCAATTTCTCATC 2024
 DB 13347 TTTATATGTTGTTTCCATGATGATATTAACGTTCCATTTTTCACCAATTTCTCATC 13288
 QY 2025 CAGCAATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 2084
 DB 13287 CAGCAATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 13228
 QY 2085 GGTATGTTGATGCTTAATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGCTGATGATGAA 2144
 DB 13227 GGTATGTTGATGCTTAATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGCTGATGATGAA 13168
 QY 2145 TTGATATGAAAGCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGCTGATGATGAA 2204
 DB 13167 TTGATATGAAAGCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGCTGATGATGAA 13108
 QY 2205 GTATGATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 2264
 DB 13107 GTATGATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 13048
 QY 2265 TATGATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 2319
 DB 13047 TATGATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 12988
 QY 2320 TATGATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 2367
 DB 12987 TATGATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 12928
 QY 2368 -ACCAACAAGGCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 2426
 DB 12927 -ACCAACAAGGCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12868
 QY 2427 CTTGATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 2486
 DB 12867 CTTGATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 12808
 QY 2487 ATTTGCTGCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 2546
 DB 12807 ATTTGCTGCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12748
 QY 2547 CTTGATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 2606
 DB 12747 CTTGATGTTGAAGAAGAGTTGCTCAATTGAGATTAATGATGTTAGTGTGAT 12688
 QY 2607 ATG----- 2609
 DB 12687 ATG----- 12628
 QY 2610 CAGTCCAAAGAGCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 2669
 DB 12607 CAGTCCAAAGAGCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12568
 QY 2670 TGTTCCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 2729
 DB 12567 TGTTCCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12508
 QY 2730 CTGATGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 2789
 DB 12507 CTGATGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12448
 QY 2790 TTAATGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 2849
 DB 12447 TTAATGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12388
 QY 2850 ATGTAAGAGTCCCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 2903
 DB 12387 ATGTAAGAGTCCCTGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12328
 QY 2904 TTGAGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 2963
 DB 12327 TTGAGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12268

QY 2964 AATGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 3023
 DB 12267 AATGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12208
 QY 3024 CAGGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 3083
 DB 12207 CAGGATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12169
 QY 3084 GTTTCCTGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 3143
 DB 12168 GTTTCCTGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12110
 QY 3144 TTTTCTGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 3203
 DB 12109 TTTTCTGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 12050
 QY 3204 CAGTATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 3263
 DB 12049 CAGTATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 11990
 QY 3264 ACTAATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 3304
 DB 11989 ACTAATGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 11949

RESULT 6
 AR551196 507 bp DNA linear PAT 08-OCT-2004
 LOCUS AR551196
 DEFINITION Sequence 6327 from patent US 6747137.
 ACCESSION AR551196
 VERSION AR551196.1 GI:53944371
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM
 Unknown.
 Unclassified.
 1 (bases 1 to 507)
 WEINSTOCK, K.G. and Bush, D.
 Nucleic acid sequences relating to Candida albicans for diagnostics
 and therapeutic
 Patent: US 6747137-A 6327 08-JUN-2004;
 Location/Qualifiers
 1..507
 /organism="unknown"
 /mol_type="genomic DNA"

ORIGIN

Query Match 12.0%; Score 423.8; DB 6; Length 507;
 Best Local Similarity 98.0%; Pred. No. 8.3e-50;
 Matches 440; Conservative 0; Mismatches 7; Indels 2; Gaps 1;

QY 2660 AATAACACATGTTCAAAATTTATAG--CCTATGAAAAAATTTTCAGTGTGACAT 2717
 DB 59 AATAACACATGTTCAAAATTTATAGCCTATGAAAAAATTTTCAGTGTGACAT 118
 QY 2718 CAATATTTAGTCAATTAACGATGATTAATGATGTTGCTGCTGATGATGAA 2777
 DB 119 CAATATTTAGTCAATTAACGATGATTAATGATGTTGCTGCTGATGATGAA 178
 QY 2778 TGTTCCTGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 2837
 DB 179 TGTTCCTGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 238
 QY 2838 TTTTCTGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 2897
 DB 239 TTTTCTGATGATTAACGATGTTGCTGCTGATGATGAA 298
 QY 2898 GAATGTTGAGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 2957
 DB 299 GAATGTTGAGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 358
 QY 2958 TGAATAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 3017
 DB 359 TGAATAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGAT 418

/protein_id="AAC49462.1"
/db_xref="GI:1209711"
/translation="MSSSSSSSSSPYLRSNSLANTWVSMKTEDHTGLYDRHPDS
LTPVHPPTLNKKEIAKSTKDSIPKEOKASRYNHSVGVSGRMDPFDRCQMS
ETVAHHQIRASAILTSNAPRSLANSHQOLVYESIHTPPDVQYKRYTMSST
ASSGNKSLSSASSSAPITTKVKSLSVSPVLEIPHESKSDHSKLAKKKTSTSA
HSSINPAVLTKTSQKSDADDDTLERKVRNMTASPDVSQASRSQSTEDVPC
PMPQLHTRVNGIDDELERYAQFANAKSQPLASIQVNEQKYSNVSQDIDGFTS
TSGBAALKPTVRVQGTGKESSTWRTIEHKEDDEHEKIKPSLHPGISFGKMG
ENENIISNDPAVCYQGTDFQIPNRSPFSCSESDETVASDIPSLVSRGFYELFRG
GEPTWLDSCGCTDDEMCIAKRGIHPLTAEIDIMORTREKVELFKSYVFCPTFE
NDKSEDFLEPLINVTIVVCRSGVLTFFHPPTSHCNKRRYRQLEBDYVNVASDMLCTA
LIDDTSPAPVQSIERYEADAIEDSVPMARDMDAAMQRIKESRRTYMLRLSG
KADVIMFAKRCODEBANGIPALTSQIINIAQARQDASHIKNNSSTYNNVAPTT
SOPRDIALLYGDIQDHLITMEONLAEKIFRSHTAYVALQVSESNKNTYEML
KGVMTIGTMLVPLAVITGLFGNNVAVPENSIAMPQILGLTLLAIVGLFASVYI
KRIDPPTLTNEABESGASVSISSFLPKNKPKPNDSSKNINRAGSNNKVASLPSRYS
RID"
CDS
3576..4130
/codon_start=1
/product="unknown"
/protein_id="AAC49463.1"
/db_xref="GI:1209712"
/translation="MEADHVSLEFRPPKIPFTGIRKGVYLSGALYALGFMTIDA
VLRSYASASDVHTFIDMIPFLCSTGLTVNSIEKRLLOQALSSDGAAGSGVD
LDSMAQARTVLFFGFALAGLSGSIVLILKFLVQVYNTYPTLGMGVNNVLCNV
ILSCVLMIAQNVDEYSYSLT"
complement(4368..5495)
/function="dephosphorylate phosphoserine"
/note="phosphochreonine residues"
/codon_start=1
/product="putative serine/threonine protein kinase"
/protein_id="AAC49464.1"
/db_xref="GI:1209713"
/translation="MKLVNVSNSPNTKLEDEHYPIIDIVSIKRNQSKMYREG
KRIGSGFETVQSLSSNSIFMLDPAIKRVKSPKQSLBLTLQINRHNLTLE
FFESHCTKQDGLYOKNFWEYIPLQLSSIHETFLVSGSMFKHILKLYTQLRA
LITLHSMISCHDILKPSNILLIPSSGIAVCPGSAORLDNTBLKATKCFSTYAP
LLNSKDYTOIDISLIGCIIGEMIKGQPLFFGDANSOLSEIALCLRFPSSKNS
OELDPSINDOKRFEMHMPSTIEFDFVDELKVLTYDATERDQAQMAHEFDALRN
ETFLPFGSSMNVHLPDFNFSASERKALGETYNNILVHSLD"
join(6364..6376,6379..7206)
CDS
/codon_start=1
/product="putative ribosomal protein l25"
/protein_id="AAC49465.1"
/db_xref="GI:1209714"
/translation="MAPSAKATAAKAVKGTNGKALKVTSATFRPKTIKLARAP
KASRAVPHRLDSYKVLKLEPITSTAMKVDGNLIFQVSMANKIQIKKAVKEL
YKVDLVKNTTLVRPNGTKKAYVRLTADYDALDIANRIGYI"
6377..6790
/note="putative intron of putative ribosomal protein l25"
complement(7803..9074)
/gene="MDH2"
complement(7803..9074)
/note="MDH2"
/note="MDH2; discrepancy in the initiating codon with the
previously published sequence"
/codon_start=1
/product="malate dehydrogenase"
/protein_id="AAC49466.1"
/db_xref="GI:1209715"
/translation="MILLILFPCIFYLPCINRTVRSPEYSADYYKSIQYHKS
SNMPSVTPISBODSLKIALIGAGIGQSLILKALQLOYSKNSRVTHTILALY
DYNQALNGVTADLSIIPRTSVSSSPAGTENCINMNSIYIVIPAGPRKGMARD
LIRNAGIISQJLDSIABCCDSKRVLYISNPVNSLVPMVSNILKHPGRNSGIR
SLINBDQLKYLTHRVQGVDEYVAKNGGSAITLSAAHGYCVVQPSLLIGNTEOI
HGTYYVPLKQANNPFIAPGADOLPLVADADYFAFLPITTTGVSIVYDVIYRNDM
EENOMPLCVSOLKKNIDKLEFVARSAS"
9850..11280
/codon_start=1
/product="unknown"
/protein_id="AAC49467.1"

/db_xref="GI:1209716"
/translation="MLQNNNGPAVKRKPSERLQCEYMEKKRCRCCTRSSQNLVYS
EHLIMLKAAONSQVNHKNGSBAEKERVPCPLDPPNTVADQIKGLCKNKTKLSH
LNDKPYREGYNGNKLSSSVKIDITAEHLVOSIELLVYFEGSEMDLEPLQLNH
KMSLKRPPOLPSTNTKAAVOSSSILELVADAGAFERESNLEIFEGGARFRRVYL
YLLQULSLPABHSGNSNRPVLDKATNMKPKKIKDDPSRIKNSPSKPLSCPI
KRKIDIRLDMDLTSLSPDDQYQYICSHLQVATDULTRICGNSLTHQDNGG
CNPGLKAIAMCCRRHVDGDYNNRYSVSLVKRYAHSILTYETFRVLTQCSM
GTCCKRKGITLIDLVNVSFEAGAPPTIIRKENINGLMARVIDEGRVLYVEKET
EFNELRLRYESDVSLNVMALVYKK"
complement(10491..10866)
/note="internal and opposite to a larger orf"
/codon_start=1
/product="unknown"
/protein_id="AAC49468.1"
/db_xref="GI:1209717"
/translation="MAIOIAFSLGHPULSPCKIBLPIHLKYRSVATPORCFEMHT
YCISSPGVDPRKIGISPKSLMSIFILMLGOLIGBSGFDPISKSSPILPSNILLVA
LSINTSFEFEPCSSAGRLNVCVRKLT"
complement(11472..12773)
/codon_start=1
/product="unknown"
/protein_id="AAC49469.1"
/db_xref="GI:1209718"
/translation="MKTYLTMVQVHLNFRABELESIDLNLSIDESQYDANSPFI
VELNDQADQWIKRSLIRGIVYEWQGTLLDLDIOLQNSFEDQLKPHSTP
KFBEFYKGNSSKARVSEIETFRYLEGKIDMDHPQVFEVYIEEYIISNVGKTP
TRIVRGQVOMSNSSAMEKDLKRPYKGTTSFAELSIYSANIAQVPGTINYPFA
GTGSFLVAGHFGSLVIGSDIDGRIMIGKAGQVNIANSFKYGSOSGLDVLNDFN
NALNNVYDITLIDDPYGRIBSKYGAQDERFLKEMDEIGERKARVARDVLPK
KPVADSLDLQYSSBRPLTGRLLAFMPTANDANIETIVPHENILKYNQVER
NKMSRRLVLYINRSTENGSSNHGIRKSKNFRERYNNEN"
ORIGIN
Query Match 11.2%; Score 396; DB 8; Length 13421;
Beet Local Similarity 72.5%; Pred. No. 2.5e-46;
Matches 513; Conservative 0; Mismatches 195; Indels 0; Gaps 0;
CDS
1616 TCTGATGGATTAATGAGAGTTTCATTCCTGATAGATTTTCATCTTTCATTCGAATCA 1675
1631 TCTTACCGGGTACGACTTCAATTCCTAATAGATTTCTTTTCTGTTCCGAATCT 1690
1676 GAAGAACTATTCATGCCCCGATATTCATCATTTAGTATCACAGGTCAATCTGTTGCA 1735
1691 GATGAAACGTTTCATGCTAGTATATCCCTTCCTTAGTGTCTGAGGGAACAATCTTAT 1750
1736 GATTATTTAGAAATGAGAAAGAACTGTGTGTTAGTTGATCTGCTACTGATTCG 1795
1751 GAATTATTCAGGAGGAGGACCAACATGTGTGTTAGTTGATGTGTCTCAACTGATAT 1810
1796 GAAATGAAATGTTGGCCCAAGCAATTTGATATTCATCTTTAACTGCTGAAGATATTCGA 1855
1811 GAAATGCGTTGCATATGCAAGGCGTTTGTGATTCATCATGATGACGGAAGATATCGA 1870
1856 ATGCAAGAACTCGTGAAGAAAGTTGAATTTAAAGTTATATTTGTTGTTTCCAT 1915
1871 ATGCAAGAAACACGTAAGAGTGAACCTTTCAATGTATATCTTGTTGTTTCCAT 1930
1916 ACTTTGAAGCTGATAAAGATTCGAAGATTTAGAACCGATTAATGTTATTTGTT 1975
1931 ACCTTTGAAATGATAAAGATTCAGAGATTTCCGGAACCTATTAAGTTTACATTTGTT 1990
1976 GTTTTCATGATGATTAATTAAGTTTCATTTTTCACCAATTTTCATCCAGCAATGTT 2035
1991 GTCTGTAGTCAGGTGTTTAAATTTTCATTTTGGCCCAATATCATTTGTTGCTAATGTC 2050
2036 AGAAGAAGATTCTGCAATGAGATTTATGATTTGATGCTGATTTGTTATGTTAT 2095
2051 AGAAGCGGTGAAGACAGATTAGTATGTCATGTCATTCATTCAGATTGTTATGTTAT 2110
2096 GCCTTAATCATGAAATTCAGATGTTTGGCCCCCGGATTTTCATGATGAAATGATGAA 2155
2111 GCTTTAATCATGACATTAGTATGTTTGGCTCTGTAAATTCATTTATGAAATATGAA 2170

```

QY 2156 GCTGATGCAATGAAGATGCCGTTTCACTGCTAGAGATACTAGTTTATAGTAGTGA 2215
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 2171 GCAAGATGCAATGGAAGATTTCTGTCTCAAGCTCGGACATGATTTTGCACAACTGTA 2230
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 2216 CAAAGAAATGTTGAAATCAAGAAAGAAAGTCAATGACTTTAATGATTAATCAGGTAAA 2275
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 2231 CAAAGAAATGTTGAAAGTGAAGGCGTGAAGCAATGACGTTGATGACACTTCTTAGTGGTAAAG 2290
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 2276 GCTGATGCAATGAAGATTTTCTGCTAAGAAAGTCAAGAAAGTCAAT 2333
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 2291 GCTGATGTTTAAATGTTTCTGCAAAAGATGCCAAGATGAAGCTAAT 2338
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

RESULT 10
CR380951.1
WPCOMMENT
Sequence split into 7 fragments
Fragment Name      Begin      End      LOCUS CR380951 Accession CR380951
CR380951_0         1      110000
CR380951_1        100001      210000
CR380951_2        200001      310000
CR380951_3        300001      410000
CR380951_4        400001      510000
CR380951_5        500001      610000
CR380951_6        600001      687501
Continuation (2 of 7) of CR380951 from base 100001 (CR380951 Candida glabrata strain CBS

Query Match      10.9%; Score 385; DB 8; Length 110000;
Best Local Similarity 72.8%; Pred. No. 4.8e-45;
Matches 496; Conservative 0; Mismatches 185; Indels 0; Gaps 0;

QY 1633 CCTGATGATTTTCACTTTTCATTTGATATGAAATGAAAGAAATCAATTCATGCCCCCATATAT 1702
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 55814 CCTGACAGATTTTCTTCTTCATCAGAAATGAAAGAAACATTCATCCACAGATATA 55873
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1703 CCATCATTAATGATCAACAGATCAATCTGTTCAGATTTTATTAAGAAATGTAAGAAACT 1762
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 55874 GCAACTTAATGACACACAGGAGATCATTTCTTGACCTTTCAAGGGGCGGAGAGCCAAAG 55933
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1763 TGGTGGTATGATTTGATCTTGTCTCACTGATTCGGAATGAAATGTTGGCCCAAGCATTT 1822
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 55934 TGGTGGCTAGATTTGATGCTATCTCACTGATGATGAATGATGATGTTCTGCAAGGCTTTT 55993
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1823 GGTATTCATCTTTTAACTGCTGAAGATATTCGAATGCAAGAAATCTGCTGAAGAAAGTTGA 1882
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 55994 GGCATCCATCTTTGACTGCTGAAGATTAATGAATGCAAGAAATCTGCTGAAGAAAGTTGAG 56053
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1883 TTATTTAAAGTATTAATTTGTTTGTTCATTACTTTTGAAGCTGATTAAGATCTGAA 1942
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 56054 TTATTTAAAGTCTTACTATTTTGTGTTTCATTACTTTTGAAGATTAAGATCTGAA 56113
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 1943 GATTAATTAAGAACGATAAATGTTATATTTGTTTCCATGATGCTATTAAGATCTGTTTC 2002
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 56114 GATTTCCTAGAGCCATGATATATGATGTTGATTAATTAAGATCAAGGTTTGTGACATTT 56173
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 2003 CATTTTTCACCAATTTCTCATCCAGCAATGTTGAAGAAAGTTCGTAATTAAGAGAT 2062
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 56174 CACTTTGACCAATTTCAATTTGTGCTAATGTTGAAGACGTTGACAGCTGGAGAT 56233
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 2063 TATGTCAGATTAAGTGCATGTTGTTATGTTATGCTTAATGATGAAGAAATTAACGATGT 2122
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 56234 TATGTCAGATTAAGTGCATGCTGCTGTTGTTATGCTGATTAATGATTAATTAACGATGT 56293
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 2123 TTTGGCCCGGATTCATGAAATTAATGAAGCTGATGCAATGAAGATCCGTTTTC 2182
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 56294 TTTGGCTCAGTTATTAATGATGCTAAGAGGGAATCAATGAAGACCTCGGTTT 56353
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 2183 ACTGCTAAGATACGATTTTATGTAATGTTTCAAGAAATTTGCTGAATCAAGAAAGAAA 2242
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 56354 ATGGCAAGAGACTTTGATTTTCTGCTGATTAACAAAGATCGGTGAAGTTAGGGGCGCAAA 56413
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 2243 GTCATGACTTTAATGATTAATTAATCAGGTAAAGCTGATGCTATTAATAATGTTTGTCTAAA 2302
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

```

```

DB 56414 ACGATGACTTTAATGATTAATTAAGTGAAGCAAGAGATGTCATCAAAATGTTTCCCAAG 56473
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
QY 2303 AGATGCAAGAAAGACTAAT 2323
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 56474 AGATGTCAGAAAGAGGCTAAT 56494
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||

RESULT 11
YSCCRIN/C
LOCUS
DEFINITION
ACCESSION
VERSION
KEYWORDS
sulfit reductase flavoprotein; mitochondrial DNA-directed RNA polymerase; 12KD heat shock protein; 96KD nucleoporine-interacting component; DNA polymerase epsilon suppressor 4; FBI protein; GTP-binding protein YPT1; MDJ1 protein precursor; Nuts protein homolog 4; actin; bZIP protein binding to CRE motif; calcium/calmodulin-dependent protein kinase type I; cell division control protein 14; cell division control protein 4; cell division control protein CDC26; chromosome segregation protein SMC1; chromosome segregation protein SMC2p; cytoplasmic phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain; depressed growth-rate protein; dihydroliposamide dehydrogenase precursor; glycogen synthase isoform 1; hexokinase A; histidinol phosphatase; mitochondrial ribosomal protein YMR-31 precursor; nuclear integrity protein 1; pheromone alpha factor receptor; phosphate system positive regulatory protein; phosphomannomutase; proteosome component PRE4; RNA helicase; Ras-related protein; transposon TY1-17 154.0KD hypothetical protein; transposon TY1-17 49.8KD hypothetical protein; tubulin beta chain; ubiquinol-cytochrome C reductase 17KD protein.
Saccharomyces cerevisiae (baker's yeast)
Saccharomyces cerevisiae
Saccharomyces cerevisiae
Bukaryota; Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes;
Saccharomycetales; Saccharomycetaceae; Saccharomycos.
1
Murakami,Y., Naicou,M., Hagiwara,H., Shibata,T., Ozawa,M.,
Saenunuma,S., Saenunuma,M., Tsuchiya,Y., Soeda,E., Yokoyama,K.,
Yamazaki,M., Tashiro,H. and Eki,T.
Analysis of the nucleotide sequence of chromosome VI from
Saccharomyces cerevisiae
Nat. Genet. 10 (3), 261-268 (1995)
95400292
MEDLINE
PUBMED
2 (bases 1 to 270148)
REFERENCE
AUTHORS
MURAKAMI,Y.
TITLE
Direct Submission
JOURNAL
Submitted (23-MAY-1995) Yasufumi Murakami, Tsukuba Life Science
Center, RIKEN, Division of Human Genome Research, 3-1-1 Koyadai,
Tsukuba, Ibaraki 305, Japan (E-mail:yasufumi@rclcs.riken.go.jp,
Tel:81-298-36-9059, Fax:81-298-36-9137)
On or before May 14, 2001 this sequence version replaced gi:836814,
gi:2804274, gi:1100783, gi:871938, gi:871933, gi:1122225,
gi:870817, gi:1122230, gi:893419, gi:871957, gi:870821, gi:1122231,
gi:83685.
D31600:Submitted (25-May-1994)
D44594-D44606:Submitted (28-Dec-1994)
Sequence updated (16-Jan-1998)
Sequence updated (28-Dec-1995) by: Yasufumi Murakami
Sequence data v3.0.
We have corrected 2 sequence errors within some CDSs. Therefore, we
have revised 3 CDSs (YFL042c,43c,31w). YFL043c were connected to
YFL042c and eliminated. The length of YFL031w (HAC1) became more
longer than previous version.
FEATURES
source
1..270148
/organism="Saccharomyces cerevisiae"
/mol_type="genomic DNA"
/strain="AB972"
/db_xref="taxon:4932"

```

```

misc_feature
1..4685
/note="y' element"
CDS
33..535
/note="YFL068W"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09173.1"
/db_xref="GI:836687"
/translation="MMPAKLQADVLRITLQSSARHGTOYTKNSNPLERPHKORIVYECLEP
FPFALFLVGVQVLOHLCIRFTQVAPYPIQLFDPSPSRHAENLAFLASCRIOYNCPS
SSSNQGVPSISLYLRYDLSPFYANKQOIPYRVEIMLADVQVFEVLVYSOISLHS
"
CDS
836..1363
/note="YFL067W"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09174.1"
/db_xref="GI:836688"
/translation="MESITLTAIFIGVLIGTVAGAGSSSIPDVAGSGSRTPDV
DAGSGSRISAGVGTSGSTSPDVAGSGSSIPDVAGSGSSISAGVSRIGTIGS
RIGTIGTIGSRISSISIGSRISPDVGSNGRISITGVSTIGSTMANRVAVLITAAI
LSAPYTAIALLEARR"
complement(1437..2615)
/note="YFL066C"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09175.1"
/db_xref="GI:836689"
/translation="MADTPSVAVQAPGVYGTLEFLPLIALASKGVYVSFLFVY
TYLANCMVLRGRGCLNVAPVNPFIEGYDGVTLVYGIYDLASTFTDRIAMEN
IYECPTNNVRLGYLIVDEPNFTEYVROSGFGITNLDPEAKAFLSGTAPBA
VADALQRTGIGLAKKMDINEIKRSDLSRGLSSYTPRMNLIKESKSGVGHVK
IKTKYTSQPEBALIKLILAFIYBPASKAIVASTNNVEELASCRKYFRVYVINGKL
GAARVSRTRKEFVDSMQVLIGTKLVTEGIDIKOLMAYIMLDNRLNIIELIQGRL
RGGGLCYLSRNSMAARNRKGELPPIKSGCTBQVREYGLSKKGGQHVGCVC
"
CDS
complement(1030..338)
/note="YFL065C"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09176.1"
/db_xref="GI:836690"
/translation="MRTFTDPVSGAPIVRSLOKSTIRKYVNLAPHMLLHVDELSI
PSAYQASLPGEKKVTERLKRDLCPKRPLEIKYFQICNDMMNKKDRGDLVAVCCPS
"
complement(1322..3846)
/note="YFL064C"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09177.1"
/db_xref="GI:836691"
/translation="MKVSDRKRKPEKANPDRESALNKNQDLYHCPSITLFSPTENV
STYEDBSGLIKVAFRTGAMNRKSFETIVSMVGNVQFLLFVEDDEDPQGGPI
PKRYLIPKINIMVYTLFQVHTLKNRKDYDLSFLNRYNELSPPCPTLSRNS
BCQAROLYDAVYH"
4685..4823
/note="left telomere"
4823..5000
/note="X element"
5066..5521
/note="YFL063W"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09178.1"
/db_xref="GI:836692"
/translation="MIVNNAHLTLPIYPHAPSVLITTCILIRHTHTDATTVTITST
YPTFTFSMAHLSHEVYCTHIIMGTCLSGYVPEFTNSHYPHFNLYILFRPKY
CINANTVYPIPFHRLITQFIYTYANITKSPKSLPKHNILSFNNMT"
6426..7565
/note="YFL062W"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09179.1"
/db_xref="GI:836693"
/translation="MKENELKNYSKVYDVLSFKQLSOKIVLPQDLFRSSTFWCYEII
KSLAPILMLLMLPLSVWKLNNWYIPLWVSLVLFMPVFLVYIFLSRSGRSJKO
LFOCKEITKSTPSDHDMEVVAANLYLBNRYANRYFFNMAKOCQARFTTL
BPSFKLDAKAYKSPKDSVPYTERALQYPRRVEKQMLPNSKSMSSVYGJEDAKLP
KSAVRKLTWLPKRISNIFMLIPFLNPLCCIVSRQMCILLRLTLVGLFNLVQGFQ

```

```

CDS
NIRVLIMSMHEKKQFLSTIINEBESGANGDEIARKNRYLFEKKVMKNEEFPDGDID
CEFFSHFFRYVLSAKKSMRALSINLWMLPIKKAQLSCSEBSLA"
9545..10222
/note="YFL061W"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09180.1"
/db_xref="GI:836694"
/translation="MSQYGRVREVEYKAIPIVYNAPRPRAVVPNPSRTARLYREYA
AKELTYAVLNHSLVLFQYSVALIKDQFPADLDEVLVYTCLLHDIAITDKNRATKA
SFEVYGGILNSELVFNATGQDYADATEAIIRHODLTGGVYITLGLLIQATYLD
NNSNTDLIHDIYVAINEQFPRLHMLSCFATVVDIENSRRKPMWHTSLGDDPSKVI
NTRGVYN"
complement(10301..10969)
/note="YFL060C"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09181.1"
/db_xref="GI:836695"
/translation="MTVYVIGLALQGAFFIEHVRVEKCIYENRDPFEKLSVMTVKDK
NQLAQCALIIPGSESTAMSLIARNGFYDLVAFVNPSPKVTMGTCAGLIYSQOLS
NEALVQVTLNLKVKVKNAPROAGSTRICDSNTIPHCNDPATFIRAPVYEVYL
DPEHVQVLYKLDGNGQQLIVAKOKNNIATSPHELAENDIRPHDWIFIRFVLK
NYSK"
11363..12259
/note="YFL059W"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09182.1"
/db_xref="GI:836696"
/translation="MSBFKVTYGLAOMLKGVINDVYTPQOAIIAERAGACAVNALER
IPAMRSAGQVCRMSDPMIKEIMEAISIPIVMAKVRIGHFEAQILBELQVYIDBS
VLTPADYTHHIEKNFVYFVCGAKDGEALRLINEGAMRTGAGNGVSAVKA
ITXIKATICOYKENTLKBSPDPAKATLRVPVDLKTTLISGKLPIVYNFAGAVATPA
DALIMQDCBQYVVGSGIPKSSDPBKALCAIVATTHYNDPALQVSSPLDGLMCG
ISISINBAGKNARLSEIGW"
12929..13951
/note="YFL058W"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09183.1"
/db_xref="GI:836697"
/translation="MSTDKITFLNMOPTPYHIDIFLAQTKYREKQGLDMALIEPTN
PSDYTELIGSKVMGKAMHITLAAKRGFPVTSVASLDEPTGVLYLKGSGITGD
FQSLKGGKIGVYGEFGKIDELTKHYGMKEBEDYVAVSCGNVAKYIIEGKIDAGIGI
KMOOVLEEVLYAKOGRPASDKMLRIDKLACGCCCTVLYCNDPEFLKNPEKVR
KFLAKIKATHTYVADPYKAMEYIDIPRQANNDLSXQYORCAVYESSLYNHRDW
KRVYIGRRLALIPPDVYSNTNSELSPHEEVSVDPLEARLMAIHQEKROGTFRK
RLALPA"
complement(14305..14763)
/note="YFL057C"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09184.1"
/db_xref="GI:836698"
/translation="MARHFGMALAPMDVGGGRFQSKKAMEERRNGEGRISFYGASB
QTDABIKISALAKVAEBHGTSYTAIAIAYRSKXNVFLVGGRIEHLKONIEAL
SIKLTPBQIKYLESIIIPDVGFPTNFIGDDPAVTKKASILTAMSAQISFD"
complement(14793..15431)
/note="YFL056C"
/codon_start=1
/protein_id="BAA09185.1"
/db_xref="GI:836699"
/translation="MADLFAPAPSESTELRVLRSKAGIRVSPLLIGMSIGDAMS
ELIGMSKERAPFLDLAFYAGAGNFIPTANNYONBOSAWIGEMVWSKLDQVIYAT
KFTDYKRYDVGGSKSNAYCGNHRGSLHVSRLRLQTDMDIILVYHMDVYSSIE
EVMDSLHLVQDSSINWLCIRLPLRGLRQITTLNLMVKKLASIKVNGTC"
17004..18680
/note="YFL055W"

```

Query Match 10.9%; Score 383; DB 8; Length 270148;
 Best Local Similarity 59.8%; Pred. No. 7e-45; Indels 165; Gaps 3;
 Matches 803; Conservative 0; Mismatches 375;

DB 1625 ATTATGAGGTCCTTACCGATGATTTTCACCTTTCGATTCGATGAGAGAACT 1684
 34627 AATACGAATATCAAAATTCGATGATTTTCGCTTCGCGTCGGAATCGATGAAACT 34568

QY 1685 ATTCATGCCCCGATATTCATCATTTAGATCAACGAGCTCAATCTGTTGCAAGATTATTT 1744
 DB 34567 GTGATGCTAGATATATCCCTTCTTTGATATCCGAGGGAAGAGCTTTATGAGTTATTC 34508
 QY 1745 AGAATGCTGAAGAACTTGGTGTAGATGTTACTTGTCTTACTGATTCGGAATGAAA 1804
 DB 34507 AAGGAGGCGATCCAACTGGGTGTGATGCACTGTCTCCAACTGATGAGAAATGCGT 34448
 QY 1805 ATGTTGCGCAAGCACTTGGTATTCATCTTAACTGCTGAAGATATTCGATGCAAGA 1864
 DB 34447 TGCATAGCAAAAACATTTGAAATCATCTTTGACCGGGAAGATATTCAGATGCAAGA 34388
 QY 1865 ACTGCTGAAAAAGTGAATTTATTTAAAGTTATTTTGTGTTTCCATCTTTGAA 1924
 DB 34387 ACGGTGAAAAAGTGAAGCTTTTCAATCCATTTACTTGTGTTTCCATCTTTGAA 34328
 QY 1925 GCTGATTAAGATCTGAAGATTTATTAAGACCGATTAATGTTATTTGTTTCCAT 1984
 DB 34327 AATGATTAAGATCTGAAGATTTATTTAACTTAAATGTTTACATGTTGTTTAAAG 34268
 QY 1985 GATGATATTTAAGCTTCACTTTTCAACCAATTTCTCATCCAGCAAAATTTAGAAAGA 2044
 DB 34267 TCAGGTGCTTGAATCTTTCATTTTGAACCAATATCACTGTGCAATGTGAAGAGCGT 34208
 QY 2045 GTTGTGCAATTTGAAGATTTATGTGATGTTAGTGTGATGTTTATGCTTAAATC 2104
 DB 34207 GTAAGACATTTAGCGATCTATGTCTGATGCTCATTTGATGTTTATGTTTAACT 34148
 QY 2105 GATGAATTTACGATGTTTGTGCCCCGCTGATTCATGAAATTTGAATGAACTGATGCC 2164
 DB 34147 GATGATATCAAGATGATTTTGTGCTCCGTTATTTCAATCATGATGATGAACTGATTCG 34088
 QY 2165 ATGGAAGATGCGTTTCACTGCTGATGATGATGATTTTATGATGATGATGATGAT 2224
 DB 34087 ATGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 34028
 QY 2225 GGTGAATCAAGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2284
 DB 34027 GGTGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 33968
 QY 2285 ATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2344
 DB 33967 ATCAAAATGTTGCGCAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 33908
 QY 2345 GGTCAATTTACTTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 2404
 DB 33907 TCTCAAACTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 33881
 QY 2405 ATTTACTCAACCAATTTCAACCTTGAATCTTAATGATTTAGAACTTCAACCTGATGA 2464
 DB 33880 ----- 33881
 QY 2445 GGAGTAGAGTAGAGGAATTAATTTTGGTCCCAATCCAACTGAAATTAATTAATTAAT 2524
 DB 33880 -----GGGAACAAGAAATGTGAACCAAGATTAATGT 33848
 QY 2525 AATTAATACTACTGCTTCACTTCAACCACTCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCA 2584
 DB 33847 AATAACCAAAATAGCTTCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 33800
 QY 2585 AACAATCTTTCCCATCCCGATGCAAGAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2644
 DB 33799 -----CCAAAGGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 33770
 QY 2645 GATATTTCAAGATCATATATATCAACATGTTTCAAAATTTATTAAGCTTAAAGAAATTTTC 2704
 DB 33769 GATATTTCAAGATCATATGTTTGAAGATGTTTCAAAATTTATTAAGCTTAAAGAAATTTTC 33710
 QY 2705 AGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2764
 DB 33709 TCTATATCAATGCAAACTACTGCGCAATTAACAGTGAATCAATTTAACTCTTAATAT 33650
 QY 2765 AAAATCACGAATGTTTCTAAATTTACTTTGATTTGGAGCAATGTAGTCCATTAAT 2824

DB 33649 AAAGTTACAGAAATGTTGGGTAAGTTACTATGTTAGGTACAAATGTTTCCATTAAT 33590
 QY 2825 TTAGTACCGGACCTTTTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2884
 DB 33589 GTTATTTAGTCTGTTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 33533
 QY 2885 GGTGTTTTCGAAATGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2944
 DB 33532 GCGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 33473
 QY 2945 GCTCAATGCTGTTGAATAAT 2967
 DB 33472 GCTAGCTATGATGATCAAAAAAT 33450

RESULT 12
 CR382125_06/c
 WPCOMMENT.
 Sequence split into 23 fragments LOCUS CR382125 Accession CR382125
 Fragment Name Begin End
 CR382125_01 1 110000
 CR382125_02 100001 210000
 CR382125_03 200001 310000
 CR382125_04 300001 410000
 CR382125_05 400001 510000
 CR382125_06 500001 610000
 CR382125_07 600001 710000
 CR382125_08 700001 810000
 CR382125_09 800001 910000
 CR382125_10 900001 1010000
 CR382125_11 1000001 1110000
 CR382125_12 1100001 1210000
 CR382125_13 1200001 1310000
 CR382125_14 1300001 1410000
 CR382125_15 1400001 1510000
 CR382125_16 1500001 1610000
 CR382125_17 1600001 1710000
 CR382125_18 1700001 1810000
 CR382125_19 1800001 1910000
 CR382125_20 1900001 2010000
 CR382125_21 2000001 2110000
 CR382125_22 2100001 2210000
 CR382125_23 2200001 2310000

Continuation (7 of 23) of CR382125 from base 600001 (CR382125 Kluveromyces laevis strain)
 Query Match 10.7%; Score 376; DB 8; Length 110000;
 Best Local Similarity 70.5%; Pred. No. 8.7e-44;
 Matches 502; Conservative 0; Mismatches 210; Indels 0; Gaps 0;

QY 1612 AATTTCTGATGGGATTAATGAGGTTCACTTACATGATGATTTTCACTTTCCATTTGCA 1671
 DB 59964 AATACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAACCAAC 59905
 QY 1672 ATCAAGAACTATTCATGCCCCGATATTCATCATTTAGATGATCAGGATCTGT 1731
 DB 59904 CGTATCTGAACCTTTCATGCTCCAGACCTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 59845
 QY 1732 TCGAATTTATTTAGAAATGTTGAAGAACTTGTGTTAGATGTTTACTTGTCTACTGA 1791
 DB 59844 TAGACAAATTAATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 59785
 QY 1792 TTGGAATGAAAAATGTTGGCCAAAGCACTTGTGATTTATCTTTTAACTGCTGAAGAT 1851
 DB 59784 TGAGAAATGAGTGTGCTGACCAAAACATTTGGAATTAATCCCTTGAACATCAAGAAAT 59725
 QY 1852 TCGAATGCAAGAACTGCTGCAAAAGTTGAATTAATTTAAAGTTATTTTGTGTTGTTT 1911
 DB 59724 CAGATGCAAGAACTGCTGCAAAAGTTGAATTAATTTAAAGTTATTTTGTGTTGTTT 59665
 QY 1912 CCATATCTTTGAAGCTGATTAAGAACTGGAAGATTTATTTAGAACCGATTAATGTTTAT 1971
 DB 59664 CCATATCTTTGAAGCTGATTAAGAACTGGAAGATTTATTTAGAACCGATTAATGTTTAT 59605

```

QY 1972 TGTGTTTCCATGATGATATTAACGTTCCATTTTCCACCAATTTCTCATCCAGCAA 2031
DB 59604 GGTGTTTTTGGGAACGGATTTCTAACTTTCACTTAACCAATCTCATATGGCCAA 59545
QY 2032 TGTGGAAGAAGATTCCTGCAATTTGAGAGATTTATGTCATGTTAGTGTGTTATG 2091
DB 59544 TGTGGAAGAAGATTCCTGCAATTTGAGAGATTTATGTCATGTTAGTGTGTTATG 59485
QY 2092 TTATGCTTAATCGATGAATATACCAATGTTGTCCTCCCGGATTCATGAAATGAATA 2151
DB 59484 TTACGCTTATGATGATATACAGATGTTTGTGACCTGTTATTCATCATATGAAAT 59425
QY 2152 TGAAGCTGATGCTGATGAAGATGCGTTTCACTGCTAGAGATGATTTTATGATAT 2211
DB 59424 TGAAGCAATGCAATGAAGATTTCACTGTTTATGACAGAGACATGAATTTGCTGAT 59365
QY 2212 GTTACAAAGATTTGTTGATGCAAGAAAGATCATGATTTTAAATGATTTATCAGG 2271
DB 59364 GCTTCAAGAAATTTGGTGAAGAAAGAAACAAATGACATTAATGATTAATCAGCG 59305
QY 2272 TAAAGCTGATGCTTAAATGTTTGTCTAAAGATGTCAGAAAGATTAAT 2323
DB 59304 TAAAGCAATGTTTATCAAAATGTTTGTCCAAAGATGCCAGAGATTCAT 59253

```

RESULT 13
AE016817.03

Sequence split into 15 fragments LOCUS AE016817 Accession AE016817

```

Fragment Name Begin End
AE016817_00 1 110000
AE016817_01 100001 210000
AE016817_02 200001 310000
AE016817_03 300001 410000
AE016817_04 400001 510000
AE016817_05 500001 610000
AE016817_06 600001 710000
AE016817_07 700001 810000
AE016817_08 800001 910000
AE016817_09 900001 1010000
AE016817_10 1000001 1110000
AE016817_11 1100001 1210000
AE016817_12 1200001 1310000
AE016817_13 1300001 1410000
AE016817_14 1400001 146886
Continuation (4 of 15) of AE016817 from base 300001 (AE016817 Eremothecium gossypii ATCC

```

Query Match 10.6%; Score 373.6; DB 8; Length 110000;
Best Local Similarity 71.6%; Pred. No. 1.9e-43;
Matches 490; Conservative 0; Mismatches 194; Indels 0; Gaps 0;

```

QY 1639 ATTACTGTATGATTTTCTCACTTTCTGCAATTCAGAAAGAAATTCATGCCCCCA 1698
DB 94322 AATACCTGATGATGTTTCTTCTTCTGTCGAGAGAGAGACAGTCATGCCCTGA 94381
QY 1699 TATTCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1758
DB 94382 TATTCATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 94441
QY 1759 AACTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1818
DB 94442 TACCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 94501
QY 1819 ATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1878
DB 94502 TTTTGAATTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 94561
QY 1879 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1938
DB 94562 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 94621
QY 1939 TGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1998

```

```

DB 94622 TGCAGACTTTTGGAGCCCAATCAATGATATGTTGTTCTTCAGAAATGATGTTTAC 94681
QY 1999 GTTCCATTTTTCACCAATTTTCTCATCCAGCAATGTTAGAAAGAGTCTCATTTAG 2058
DB 94682 CTTCACCTTTAGCCAGATGTTCTGACTCGCCCAATGTCAGAGCGGTGTGCCAGTTAG 94741
QY 2059 AGATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2118
DB 94742 GGACTACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 94801
QY 2119 TGTGTTTGGCCCGGATTCATGGAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2178
DB 94802 TAGTGTGCTCAGTAATTTCAACTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 94861
QY 2179 TTTCACTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2238
DB 94862 TTTCACTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 94921
QY 2239 AAAAGTCATGCTTTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2298
DB 94922 GAAAAACATGACGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 94981
QY 2299 TAAAGATGTCAGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2322
DB 94982 TAAAGCTGTCAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 95005

```

RESULT 14

LOCUS CO446161 684 bp DNA linear PAT 30-JAN-2004
DEFINITION Sequence 11921 from Patent WO0192523.
ACCESSION CO446161
VERSION CO446161.1 GI:41417311

SOURCE
ORGANISM Homo sapiens (human)

Homosapiens; Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Homnidae; Homo.

REFERENCE

1 Shimkets, R.A. and Leach, M.D.
Human polynucleotides and polypeptides encoded thereby
Patent: WO 0192523-A 11921 06-DEC-2001;
Curagen Corporation (US)

FEATURES
Location/Qualifiers

source

1..684
/organism="Homo sapiens"
/mol_type="unassigned DNA"
/db_xref="taxon:9606"

ORIGIN

Query Match 7.5%; Score 263.8; DB 6; Length 684;
Best Local Similarity 70.0%; Pred. No. 1.8e-27;
Matches 355; Conservative 0; Mismatches 152; Indels 0; Gaps 0;

```

QY 1865 ACTCGTGAAGAAAGTGAATTTAATTAAGTATTAATTTGTTGTTCCATACCTTTGAA 1924
DB 1 ACGCGTGAAGAAAGTGAATTTAATTAAGTATTAATTTGTTGTTCCATACCTTTGAA 60
QY 1925 GGTGATTAAGAAATCGAAGATTTATTTAAGCCGATTAATGTTTATGTTGTTCCAT 1984
DB 61 AATGATTAAGAAATCGAAGATTTATTTAAGCCGATTAATGTTTATGTTTATGTTTAA 120
QY 1985 GATGATTAATTAAGTGAATTTTACCAATTTCTCATCCAGCAATGTTAGAAAGAA 2044
DB 121 TAGGATGCTTGAATTTTCACTTTTACCAATTTCTCATCCAGCAATGTTAGAAAG 180
QY 2045 GTTCTCAATTAAGAAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2104
DB 181 GTAAGCAATTAAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 240
QY 2105 GATGAATTAAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2164

```

Db 241 GATGATATACAGATAGTTTGGCTCCGGTATTATTCATTCAGATGAGTAACTGATTCG 300

Qy 2165 ATTTGAAGTCCGGTTTTCAGCTGCTAGATCTGATTTTATGATGATGATTAAGAAAT 2224

Db 301 ATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 360

Qy 2225 GGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2284

Db 361 GGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 420

Qy 2285 ATTTAAATGTTTGTCTTAAAGATGTCAGAGAGAGTAACTTCTTCTTCTGTTATTAACA 2344

Db 421 ATTTAAATGTTTGTCTTAAAGATGTCAGAGAGAGTAACTTCTTCTTCTGTTATTAACA 480

Qy 2345 CGTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2371

Db 481 TCTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 507

RESULT 15

SPBC27B12/ 35030 bp DNA linear PLN 23-JUN-2003

LOCUS SPBC27B12 35030 bp DNA linear PLN 23-JUN-2003

DEFINITION S.pombe chromosome II cosmid c27B12.

ACCESSION AL021766

VERSION AL021766.1 GI:2853106

KEYWORDS

SOURCE Schizosaccharomyces pombe (fission yeast)

ORGANISM Schizosaccharomyces pombe

REFERENCE 1 (bases 1 to 35030)

AUTHORS Wood, V., Galliam, R., Rajandream, M.A., Lyne, M., Lyne, R., Stewart, A., Sgouras, J., Peat, N., Hayles, J., Baker, S., Basham, D., Bowman, S., Brooks, K., Brown, D., Brown, S., Chillingworth, T., Churcher, C., Collins, M., Connor, R., Cronin, A., Davis, P., Felwell, T., Fraser, A., Gentles, S., Goble, A., Hamlin, N., Harris, D., Hidalgo, J., Hodgson, G., Holroyd, S., Hornby, T., Howarth, S., Huckle, E., Hunt, S., Jagsels, K., James, K., Jones, L., Jones, M., Leathers, S., McDonald, S., McLean, J., Mooney, P., Moule, S., Mungall, K., Murphy, L., Niblett, D., Odell, C., Oliver, K., O'Neill, S., Pearson, D., Quail, M.A., Rabinowitch, E., Rutherford, K., Rutter, S., Saunders, D., Seeger, K., Sharp, S., Skelton, J., Simmonds, M., Squires, R., Squares, S., Stevens, K., Taylor, K., Taylor, R.G., Tivey, A., Walsh, S., Warren, T., Whitehead, S., Woodward, J., Volckaert, G., Aert, R., Robben, J., Gymnopoulos, B., Welljens, I., Vansteelandt, E., Rieger, M., Schaefer, M., Muller-Auer, S., Gabel, C., Fuchs, M., Dusterhoft, A., Fritze, C., Holzer, E., Moestl, D., Hilbert, H., Borzym, K., Langer, I., Beck, A., Lehrach, H., Reinhardt, R., Pohl, T.M., Eger, P., Zimmermann, W., Medler, H., Wambutt, R., Purnelle, B., Goffeau, A., Cadieu, E., Dreano, S., Gloux, S., Lelaure, V., Mottier, S., Gilbert, F., Aves, S.J., Xiang, Z., Hunt, G., Moore, K., Hurst, S.M., Lucas, M., Rochet, M., Galliard, C., Tallada, V.A., Garzon, A., Thode, G., Daga, R.R., Cruzado, L., Jimenez, J., Sanchez, M., del Rey, F., Benito, J., Dominguez, A., Revuelta, J.L., Moreno, S., Armstrong, J., Forsberg, S.L., Cerutti, L., Lowe, T., McCombie, W.R., Paulsen, I., Potashkin, J., Shpakovski, G.V., Uebachs, D., Barrell, B.G. and Nurse, P.

TITLE The genome sequence of Schizosaccharomyces pombe

JOURNAL Nature 415 (6674), 871-880 (2002).

PMID 11859360

2 (bases 1 to 35030)

Wood, V., Rajandream, M.A., Barrell, B.G., Lauber, J., Hilbert, H. and Dusterhoft, A.

Direct Submission

Submitted (05-DEC-1997) European Schizosaccharomyces genome sequencing project, Sanger Institute, The Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton, Cambridge CB10 1SA, E-mail: pombe@sanger.ac.uk and QiAGEN GmbH, Max-Volmer-Str 4, D-40724 Hilden, Germany

Notes:

Details of S. pombe sequencing at the Sanger Institute are available on the world wide web.

(URL, <http://www.genedb.org/genedb/pombe/index.jsp>) (URL, http://www.sanger.ac.uk/projects/S_pombe/)

CDS are numbered using the following system eg SPAC5H10.01c. SP (S. pombe), A (chromosome 1), c5H10 (cosmid name), .01 (first CDS), c (complementary strand). However, clones may have been reorientated since the original submission, therefore the complementary strand notation may be invalid for strand inference. IMPORTANT: This sequence MAY NOT be the entire insert of the sequenced clone. It may be shorter because we only sequence overlapping sections once.

FEATURES

source

1. 35030

/organism="Schizosaccharomyces pombe"

/mol_type="genomic DNA"

/strain="972h-"

/db_xref="taxon:4896"

/chromosome="II"

/map="IIL"

/clone="cosmid c27B12"

1. 2559

/note="nominal overlap with cosmid SPBC30B4, EM:AL031262 S.pombe chromosome 2"

complement(join(1..81,146..886))

/gene="SPBC27B12.01c"

/note="synonym: SPBC30B4.09c"

complement(join(1..81,146..886))

/gene="SPBC27B12.01c"

/codon_start=1

/protein_id="CA16896.1"

/db_xref="GI:2853107"

/translation="MIHLPGCSFTGGLIVGQLTLAIIVYLFRLPFSPIPKSVANS PKQENETPSTPLSNKKRYKPLTIEPHILNLYDVNEHSPSLDVFNLIA QALIQRYDACSNDALRKLETYLNKGQDSMDVHIYVLDISLGDGPVPSHCVLP HOHNSQIARAEMLVSLTNINCTVDTKLLNPKRAPRTLSIVRICKPYGXSLF TTLIVYSYLDISLPSFGSLKHQVLRITVIMYFSPSGAGQPAYMNLSPDPNFI"

complement(82..97)

/gene="SPBC27B12.01c"

/note="ctacacttgcctcg, splice branch and acceptor"

complement(140..145)

/gene="SPBC27B12.01c"

/note="gtatc, splice donor sequence"

1053..1064

/note="12 Tc in SPBC27B12 and SPBA4539, but only 11 in SPAC30B4, we have altered c30B4 to agree with the consensus to allow contiguation"

/citation=[2]

1526..1855

/gene="SPBC27B12.02"

/note="synonym: SPBC30B4.10"

1526..1855

/gene="SPBC27B12.02"

/note="very hypothetical protein"

/codon_start=1

/protein_id="CA16897.1"

/db_xref="GI:2853108"

/translation="MPLKARAIEIAPNVFCKIASEPDSSTSSPANTAVNSITGLAE KNPFAITSGLDLRNVMWQFTSLFITWIMGLSYFLSASFAYVYFDEERBRHPKF NVRAYVM"

complement(2261..3250)

/gene="SPBC27B12.03c"

complement(2261..3250)

/gene="SPBC27B12.03c"

/note="C-5 sterol desaturase (predicted); involved in ergosterol biosynthesis (predicted); similar to S. cerevisiae ERG3"

/codon_start=1

/protein_id="CA16898.1"

/db_xref="GI:2853109"

/db_xref="GOA:O13666"

/db_xref="UniProt/Swiss-Prot:O13666"

/translation="MDVVLQYADKVFDPFYCKIASEPDSSTSSPANTAVNSITGLAE KNPFAITSGLDLRNVMWQFTSLFITWIMGLSYFLSASFAYVYFDEERBRHPKF

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: April 14, 2005, 13:36:05 ; Search time 1739 Seconds
(without alignments)
1199.476 Million cell updates/sec

Title: US-10-018-105-3

Perfect score: 3525
1 tacaatacataatacata.....tcaattattcataatcgc 3525

Sequence: IDENTITY NUC
Gapop 10.0, Gapext 1.0

Scoring table: Gapop 10.0, Gapext 1.0

Searched: 4390206 seqs, 2959870667 residues 8780412

Total number of hits satisfying chosen parameters:

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : N_Geneseq_16Dec04:*

1: Geneseq1980s:*\n2: Geneseq1990s:*\n3: Geneseq2000s:*\n4: Geneseq2001as:*\n5: Geneseq2001bs:*\n6: Geneseq2002as:*\n7: Geneseq2002bs:*\n8: Geneseq2003as:*\n9: Geneseq2003bs:*\n10: Geneseq2003cs:*\n11: Geneseq2003ds:*\n12: Geneseq2004as:*\n13: Geneseq2004bs:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	3523	99.9	3525	3 AAC87954	Aac87954 Candida a
2	2769	78.6	2769	6 ABZ32388	Abz32388 Candida a
3	263.8	7.5	684	6 ABW21722	Abw21722 Human ORF
4	179.6	5.1	1992	8 ABT19393	Abt19393 Aspergill
5	179.6	5.1	1992	8 ABT21213	Abt21213 Aspergill
6	169.4	4.8	860	8 ABZ51492	Abz51492 Aspergill
7	168.2	4.8	537	2 ADR01374	Adr01374 A. gossyp
8	118	3.3	462	6 ABW76186	Abw76186 Human gly
9	117.6	3.3	8056	8 ABZ10246	Abz10246 Haematopo
10	116.4	3.3	688	3 AAP14580	Aap14580 Aspergill
11	113.6	3.2	2048	8 ABT20615	Abt20615 Aspergill
12	113.6	3.2	2048	8 ABT18799	Abt18799 Aspergill
13	113.6	3.2	4048	8 ABT18205	Abt18205 Aspergill
14	113.6	3.2	4048	8 ABT20019	Abt20019 Aspergill
15	113.6	3.2	7990	13 ADR84473	Adr84473 Aspergill
16	107.8	3.1	321	6 ABZ22505	Abz22505 Human ORF
17	106.8	3.0	4985	6 ABG75107	Abg75107 Anopheles
18	106.8	3.0	4985	10 ACF79720	Acf79720 Mosquito
19	106.2	3.0	575	3 AAT07924	Aat07924 Fusarium
20	94.4	2.7	969	6 ABQ39490	Abq39490 Oligonuc1

21	94.4	2.7	969	6 ABQ39491	Abq39491 Oligonuc1
22	92.6	2.6	8056	8 ABZ10246	Abz10246 Haematopo
23	90	2.6	3996	6 AAD47004	Aad47004 Plasmodiu
24	86.6	2.5	8056	8 ABZ10100	Abz10100 Haematopo
25	85.8	2.4	2000	10 ADK62467	Adk62467 Disease t
26	84.8	2.4	8056	8 ABZ10100	Abz10100 Haematopo
27	84	2.4	7676	6 ABL34598	Ab134598 Human met
28	84	2.4	7676	6 ABL70409	Ab170409 Chemical1
29	84	2.4	7676	7 ADS99859	Ad999859 Bistulphit
30	81.2	2.3	4985	6 ABQ75107	Abq75107 Anopheles
31	81.2	2.3	4985	10 ACF79720	Acf79720 Mosquito
32	79.8	2.3	6033	3 AAA70152	Aaa70152 Plasmodiu
33	79.8	2.3	5859	13 ADS89440	Ad89440 Oligonuc1
34	79.8	2.3	9859	13 ADS89714	Ad89714 Oligonuc1
35	79.6	2.3	3931	9 ACC84661	Acc84661 P. falcip
36	78.2	2.2	8759	8 ABZ10238	Abz10238 Haematopo
37	78.2	2.2	8759	8 ABZ09964	Abz09964 Haematopo
38	78.2	2.2	8759	8 ABZ10092	Abz10092 Haematopo
39	78.2	2.2	8759	8 ABZ10110	Abz10110 Haematopo
40	78.2	2.2	8759	10 ADB54086	Ad54086 Pretreate
41	78.2	2.2	8759	10 ADB54214	Ad54214 Pretreate
42	78.2	2.2	8759	10 ADB84072	Ad84072 Human lym
43	78.2	2.2	8759	10 ADB84148	Ad84148 Human lym
44	78.2	2.2	8759	13 ADS89514	Ad89514 Oligonuc1
45	78.2	2.2	8759	13 ADS89240	Ad89240 Oligonuc1

ALIGNMENTS

RESULT 1
AAC87954
ID AAC87954 standard; DNA; 3525 BP.

AC AC87954;

DT 06-MAR-2001 (first entry)

DE Candida albicans CALR1 nucleotide sequence.

KM Candida albicans; yeast pathogen; identification; fungal; antifungal;

XX KAKES; CALR1; CaCD24; diagnosis; fungicide; fungal infection; de.

OS Candida albicans.

PN WO200068420-A2.

PD 16-NOV-2000.

PF 05-MAY-2000; 2000WO-CA000533.

PR 05-MAY-1999; 99US-0132878P.

XX (MYCO-) MYCOTA BIOSCIENCES INC.

PI Roemer T, Bussey H, Davison J;

DR WPI; 2000-687652/67.

XX P-PsDB; AAB36515.

PT New DNA encoding essential proteins of Candida albicans, useful for

PS diagnosing fungal infections and to screen for clinical or agricultural

XX antifungal agents.

XX Claim 3; Fig 2A; 76pp; English.

CC The present sequence represents the fungus-specific Candida albicans gene

CC CALR1. The present invention describes the fungus-specific genes CAKES5,

CC CALR1 and CaCD24 isolated in the yeast pathogen C. albicans. The genes

CC have antifungal and fungicide activity. The genes in C. albicans and are

CC useful as drug targets. Fragments of them are useful as probes and

CC primers for diagnosis of fungal infections, also as antisense and

CC ribozyme agents. Proteins encoded by the genes are used to screen for

Db		1981	CCATGATGGTATTAAAGCTTCATTTTGCACATTTCTCATCAGCAATGTTAGAG	2040
Oy		2041	AAGAATTCGTCATTTGAGAGATTATGTCAGATTAGCTGATGGTTAATGCTT	2100
Db		2041	AAGAGTTGCTCAATTGAGAGATTATGTCAGATTAGTGCTGATGGTTAATGTCCTT	2100
Oy		2101	AATGATGAATAATTAACCGATGGTTTTGCCCGGATTTCAATGGAATGTGAAGCTGA	2160
Db		2101	AATGATGAATAATTAACCGATGGTTTTGCCCGGATTTCAATGGAATGTGAAGCTGA	2160
Oy		2161	TGCCATTGAAGATGCCGTTTTCACTGCTAGAGATPACTGATTTTAGTAGATTACAAG	2220
Db		2161	TGCCATTGAAGATGCCGTTTTCACTGCTAGAGATPACTGATTTTAGTAGATTACAAG	2220
Oy		2221	AATTGGTGAATCAAGAGAAAAGTCAAGCTTTAATGAGATTAATTAATCAGGTAAAGCTGA	2280
Db		2221	AATTGGTGAATCAAGAGAAAAGTCAAGCTTTAATGAGATTAATTAATCAGGTAAAGCTGA	2280
Oy		2281	TGTCATTAATAATGTTTTGCTAATAAGATGTCAGAGAAAGCTAATCTTCTTCGTGTTATA	2340
Db		2281	TGTCATTAATAATGTTTTGCTAATAAGATGTCAGAGAAAGCTAATCTTCTTCGTGTTATA	2340
Oy		2341	TCAACGTCAATATATACTTAACAACAACAACAAGGCCCAACAACAACCTAATCC	2400
Db		2341	TCAACGTCAATATATACTTAACAACAACAACAAGGCCCAACAACAACCTAATCC	2400
Oy		2401	TATTAATTACTTCAACCAATTAATTCAACTTTGATCTTAATAGTTTAGGAACITTCAGCTGG	2460
Db		2401	TATTAATTACTTCAACCAATTAATTCAACTTTGATCTTAATAGTTTAGGAACITTCAGCTGG	2460
Oy		2461	TGAGAGAGTAGAGTAGAGAGAAATTAATTTGGTCCCACTCAACGTGAATTAATCTAA	2520
Db		2461	TGAGAGAGTAGAGTAGAGAGAAATTAATTTGGTCCCAATCCAATCGAATAATTAATCTAA	2520
Oy		2521	TACTAATATCTAATACTAACGGTCAACCTTCAACCTCAACAACAACAACATGGAT	2580
Db		2521	TACTAATATCTAATACTAACGGTCAACCTTCAACCTCAACAACAACAACATGGAT	2580
Oy		2581	CACCTAACCAATCTTCCCACATCCCCGATGCAAGCTGCAAGACGTAAATGCAATTAATTT	2640
Db		2581	CACCTAACCAATCTTCCCACATCCCCGATGCAAGCTGCAAGACGTAAATGCAATTAATTT	2640
Oy		2641	AGGTGATATTCAGAGTCATATATATCACCATGTTCAAAATTTATTTAGCTATGAAAAAT	2700
Db		2641	AGGTGATATTCAGAGTCATATATATCACCATGTTCAAAATTTATTTAGCTATGAAAAAT	2700
Oy		2701	TTTTCAGTCGTTCACTTCAAATTTATTTAGCTCAATTAACAAATTCATTCATTCCTCA	2760
Db		2701	TTTTCAGTCGTTCACTTCAAATTTATTTAGCTCAATTAACAAATTCATTCATTCCTCA	2760
Oy		2761	TAAATAAATCAACCGAAATGTTTTCTTAAATTACTTTGATGGGCAATGTTAGTTCAAT	2820
Db		2761	TAAATAAATCAACCGAAATGTTTTCTTAAATTACTTTGATGGGCAATGTTAGTTCAAT	2820
Oy		2821	AAATTTAGTCAACGGGACTTTTGGTATGATGTAAGAGTCCCTGGTGAAGGTGTAACAA	2880
Db		2821	AAATTTAGTCAACGGGACTTTTGGTATGATGTAAGAGTCCCTGGTGAAGGTGTAACAA	2880
Oy		2881	TTTAGAGTTGTTTTTCCGAATTTGGAGATTAATTAATTTAATTTATTTGATCAATTAAT	2940
Db		2881	TTTAGAGTTGTTTTTCCGAATTTGGAGATTAATTAATTTAATTTAATTTATTTGATCAATTAAT	2940
Oy		2941	ATTAGCTCAATGGTGGTGAATAAATTAATTAATTCATTTGAGACAAATAATATGGTAA	3000
Db		2941	ATTAGCTCAATGGTGGTGAATAAATTAATTAATTCATTTGAGACAAATAATATGGTAA	3000
Oy		3001	TCGACCAATTTTTATTCATTCATCAAGAAGATCAATTAAGAGTTTAGGTTTAAAAAACA	3060
Db		3001	TCGACCAATTTTTATTCATTCATCAAGAAGATCAATTAAGAGTTTAGGTTTAAAAAACA	3060
Oy		3061	TGGTGGTAAATTAATTAATTTAGTTTCCCAATTAATTAATTAAGAAATTAATCAAAAGA	3120
Db		3061	TGGTGGTAAATTAATTAATTTAGTTTCCCAATTAATTAATTAAGAAATTAATCAAAAGA	3120

Db	3061	TGGGTGATATTAACCAATTATAGCTTCCCAATAAATATGAATAAAGATATATCAAGAA	3120
Qy	3121	ATGCCACAGAGTTTGATGCTTTGTTTTTTTTTTTATATGTCATGATGCAGCTGTATAT	3180
Db	3121	ATGCCACAGAGTTTGATGCTTTGTTTTTTTTTTTATATGTCATGATGCAGCTGTATAT	3180
Qy	3181	ACATATACCTTTTATAGAAAGTAAACAATAGTAAATGATATATAGTATCATCATCATTA	3240
Db	3181	ACATATACCTTTTATAGAAAGTAAACAATAGTAAATGATATATAGTATCATCATCATTA	3240
Qy	3241	TTTATTAATTTGATATTAATCGTATCTAATCTTCTTGATTTAGGAAAGATATATTA	3300
Db	3241	TTTATTAATTTGATATTAATCGTATCTAATCTTCTTGATTTAGGAAAGATATATTA	3300
Qy	3301	TTTATCTATTAACATTTATTTTATACGAGTTGCTTAAATTTGAGAGTCATAATATAGAT	3360
Db	3301	TTTATCTATTAACATTTATTTTATACGAGTTGCTTAAATTTGAGAGTCATAATATAGAT	3360
Qy	3361	GTAATAAGAGTTTAAAGAAGATATAAGAAATATATATATACAGANGTTCATACGAA	3420
Db	3361	GTAATAAGAGTTTAAAGAAGATATAAGAAATATATATATACAGANGTTCATACGAA	3420
Qy	3421	GGGGGGGGAAGAGAGAGGATATATATACGCAATTGCTTGCTACTTTTGTTTGAATA	3480
Db	3421	GGGGGGGGAAGAGAGAGGATATATATACGCAATTGCTTGCTACTTTTGTTTGAATA	3480
Qy	3481	AAATATTAAGTTTATCTAATATTTATTCATATTTATTCATATTTGC	3525
Db	3481	AAATATTAAGTTTATCTAATATTTATTCATATTTATTCATATTTGC	3525
RESULT 2			
ABZ32388	ID	ABZ32388 standard; DNA; 2769 BP.	
XX	AC	ABZ32388;	
XX	DE	30-JAN-2003 (first entry)	
XX	XX	Candida albicans essential gene SEQ ID NO 6675.	
XX	XX		
XX	XX	Fungus; yeast; tetracyclin; promoter; GRAC strain; biosynthesis;	
XX	XX	signal transduction; DNA replication; cell division; growth;	
XX	XX	proliferation; Candida albicans; fungicide; antifungal; gene; ss.	
XX	OS	Candida albicans.	
XX	XX		
XX	XX	WO200253728-A2.	
XX	XX		
XX	XX	11-JUL-2002.	
XX	XX		
XX	XX	26-DEC-2001; 2001WO-US049486.	
XX	XX		
XX	XX	29-DEC-2000; 2000US-0259128P.	
XX	XX	20-FEB-2001; 2001US-00792024.	
XX	XX	22-AUG-2001; 2001US-0314050P.	
XX	XX		
XX	XX	(ELIT-) ELITRA PHARM INC.	
XX	XX		
XX	XX	Roemer T, Jiang B, Boone C, Bussey H, Ohlsen KL;	
XX	XX		
XX	XX	WPI; 2002-566694/60.	
XX	XX	P-PSDB; ABP73838.	
XX	XX		
XX	XX	Constructing strains for identifying gene products as effective targets	
XX	XX	for therapeutic intervention, by inactivating in the strain one allele of	
XX	XX	a gene and placing other allele of the gene under conditional expression.	
XX	XX		
XX	XX	Claim 37; SEQ ID NO 6675; 167bp + Sequence Listing; English.	
XX	XX		
XX	XX	The invention relates to constructing (M1) a strain of diploid fungal	
XX	XX	cells in which both alleles of a gene are modified, comprising modifying	
XX	XX	one allele by insertion or replacement by a cassette having an	

expressible selectable marker and modifying other allele by recombination, of a promoter replacement fragment with a heterologous promoter, so that expression of the second allele is regulated by the promoter. (M) is useful for constructing a strain of diploid fungal cells in which both alleles of a gene are modified. The diploid fungal cells having both alleles modified are useful for identifying a gene that is essential to the survival or growth of a fungus, a gene that contributes to the virulence and/or pathogenicity of a fungus, a gene that contributes to the resistance of a diploid fungus to an antifungal agent, an antifungal agent that inhibits the growth of a diploid fungus and for identifying a therapeutic agent for treatment of a mammalian disease. (M1) is useful for identifying a compound which modulates the activity of a gene product, preferably enzymatic activity, carbon compound catabolism, biosynthetic, transporter, transcriptional, translational, signal transduction, DNA replication and cell division activity. The method is useful for identifying a compound having the ability to inhibit growth or proliferation of C. albicans cells and for treating infection by C. albicans. The present sequence is that of an essential Candida albicans gene used in the method of the invention. Note: The sequence data for this patent is not represented in the printed specification but is based on sequence information supplied to Derwent by the European Patent Office

Sequence 2769 BP; 987 A; 434 C; 448 G; 900 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 78.6%; Score 2769; DB 6; Length 2769;

Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;

Matches 2769; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

338 ATGTCGATGATGAAAGTTATTTATCAAAATTCAGTACTTAATCAACCTTCTTGATCT 397
1 ATGTCGATGATGAAAGTTATTTATCAAAATTCAGTACTTAATCAACCTTCTTGATCT 60
338 GATGAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 457
61 GATGAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 120
458 GATGAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 517
121 GATGAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 180
518 CAACAACATCATCAAGAGATTCATCATCATCATCATCATCATCATCATCATCATCAT 577
181 CAACAACATCATCAAGAGATTCATCATCATCATCATCATCATCATCATCATCATCAT 240
578 TCTTCATTAAGAAAATCTATCTTACCGATTAAGATGATGATGATGATGATGATGAT 637
241 TCTTCATTAAGAAAATCTATCTTACCGATTAAGATGATGATGATGATGATGATGAT 300
638 TTATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 697
301 TTATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 360
698 TCATTAAGTAAAGATTTTATTTAAAGATTAATCTGACGACATTTCTATTAATCAT 757
361 TCATTAAGTAAAGATTTTATTTAAAGATTAATCTGACGACATTTCTATTAATCAT 420
758 ACTCATCTTGCAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTC 817
421 ACTCATCTTGCAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTC 480
818 AATCAAGAGAAAATCTCAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTC 877
481 AATCAAGAGAAAATCTCAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTCGAAATTC 540
878 GGTGCTGAATTAATTTAATTAATTTGAAATTAATTTGAAATTAATTTGAAATTAATTT 937
541 GGTGCTGAATTAATTTAATTAATTTGAAATTAATTTGAAATTAATTTGAAATTAATTT 600
938 ACTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 997
601 ACTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 660

998 ATGTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1057
661 ATGTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 720
1058 GGTGCTGAATTAATTTAATTAATTTGAAATTAATTTGAAATTAATTTGAAATTAATTT 1117
721 GGTGCTGAATTAATTTAATTAATTTGAAATTAATTTGAAATTAATTTGAAATTAATTT 780
1118 AGATCATCTCAAGAACTGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1177
781 AGATCATCTCAAGAACTGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 840
841 GTTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 900
1238 TATTTACAAAACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1297
901 TATTTACAAAACAAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 960
1238 TCCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1357
961 TCCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1020
1358 AATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1417
1021 AATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1080
1418 CCAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1477
1081 CCAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1140
1478 TCTTCAGAAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1537
1141 TCTTCAGAAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1200
1538 CAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1597
1201 CAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1260
1598 TTTGCTGAGAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1657
1261 TTTGCTGAGAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1320
1658 CTTTCCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1717
1321 CTTTCCATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1380
1718 CCAAGTCAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1777
1381 CCAAGTCAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1440
1778 ACTGCTCAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1837
1441 ACTGCTCAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1500
1838 ACTGCTCAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1897
1501 ACTGCTCAATCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1560
1898 TATTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1957
1561 TATTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1620
1958 AATAAATGTTAATTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 2017
1621 AATAAATGTTAATTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 1680
2018 TCTCATCAAGAAATGTTAAGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2077
1681 TCTCATCAAGAAATGTTAAGAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
2078 GCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2137

```

Db      1741 GCTGATGTTATGTTATGCTTATCATGAAATTTACGATGTTGGCCCGCTGATTT
Qy      2138 CATGGAATTTGAATGANGCTGATGCCCATGGAAGTGCCTTTCACTGATGAATCT
Db      1801 CATGGAATTTGAATGANGCTGATGCCCATGGAAGTGCCTTTCACTGATGAATCT
Qy      2198 GATTTTACTAGATGTTCAAAAGAAATGTTGATGAAAGAAAGTCACTGATTAAG
Db      1861 GATTTTACTAGATGTTCAAAAGAAATGTTGATGAAAGAAAGTCACTGATTAAG
Qy      2258 AGATTATTTATCAGGTTAAAGCTGATGCTTAAATGTTTGTCTAAAGATGTCAGAGAA
Db      1921 AGATTATTTATCAGGTTAAAGCTGATGCTTAAATGTTTGTCTAAAGATGTCAGAGAA
Qy      2318 GCTAATCTTCTTCTGTTTATTTATCAAGCTCAATTAATTAACACACACACACAG
Db      1981 GCTAATCTTCTTCTGTTTATTTATCAAGCTCAATTAATTAACACACACACAG
Qy      2378 GCGCCACACACACACACCTTAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      2041 GCGCCACACACACACACCTTAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      2438 AATAGTTTAGGAATTTCAACTGCTGAGAGAGTGAAGTGAAGAAATTTTGTCTCC
Db      2101 AATAGTTTAGGAATTTCAACTGCTGAGAGAGTGAAGTGAAGAAATTTTGTCTCC
Qy      2498 AATCCAACTGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      2161 AATCCAACTGGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      2558 CAACAAACAACAACAACATGATGATCACTAAACAAATCTTCCCAATCCCGATCAGTCA
Db      2221 CAACAAACAACAACAACATGATGATCACTAAACAAATCTTCCCAATCCCGATCAGTCA
Qy      2618 AGAGCTGATATGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      2281 AGAGCTGATATGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      2678 AATTTATTAAGCTTATGAATAAATTTTCACTGCTCACTTCAATTAATTAATTAATTAAT
Db      2341 AATTTATTAAGCTTATGAATAAATTTTCACTGCTCACTTCAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      2738 CAAGTTGAATCACTTCAATTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      2401 CAAGTTGAATCACTTCAATTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      2798 AATGGGACAATGTTGCTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      2461 AATGGGACAATGTTGCTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      2858 GTCCCTGGTGAAGTGTGTCACAAATTTAGTGTGTTTTCGAAATGTTGAGATTAATA
Db      2521 GTCCCTGGTGAAGTGTGTCACAAATTTAGTGTGTTTTCGAAATGTTGAGATTAATA
Qy      2918 TTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      2581 TTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      2978 AATGGAAGAACAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      2641 AATGGAAGAACAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      3038 AGAAGTTTATGTTTAAAAAATGATGTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Db      2701 AGAAGTTTATGTTTAAAAAATGATGTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT
Qy      3098 TATGAATTA 3106
Db      2761 TATGAATTA 2769

```

RESULT 3

```

ABN21722
ID      ABN21722 standard; cDNA; 684 BP.
XX
AC      ABN21722;
XX
DT      24-JUN-2002 (first entry)
XX
DE      Human ORFX polynucleotide sequence SEQ ID NO:11921.
XX
KW      Human; open reading frame; ORFX; gene therapy; cancer; cirrhosis;
KW      hyperproliferative disorder; psoriasis; benign tumour; hemorrhage;
KW      degenerative disorder; osteoarthritis; neurodegenerative disorder;
KW      cardiovascular disease; diabetes mellitus; systemic lupus erythematosus;
KW      hypertension; hypothyroidism; cholesterol ester storage disease;
KW      immune deficiency; immune disorder; infectious disease;
KW      autoimmune disorder; rheumatoid arthritis; autoimmune thyroiditis;
KW      myasthenia gravis; gene; ss.
OS      Homo sapiens.
XX
PN      MO200192523-A2.
XX
PD      06-DEC-2001.
XX
PF      29-MAY-2001; 2001WO-US010836.
XX
PR      30-MAY-2000; 2000US-0206133P.
XX
PS      29-MAY-2000; 2000US-0228716P.
XX
PA      (CURA-) CURAGEN CORP.
XX
PI      Shinketsu RA, Leach MD;
XX
DR      WPI, 2002-106308/14.
XX
P      P-PSDB; ABP05970.
XX
PT      Novel human polypeptides and polynucleotides useful for diagnosing,
PT      preventing and treating cardiovascular disease, neurodegenerative,
PT      hyperproliferative disorders and autoimmune disorders.
XX
PS      Disclosure; SEQ ID NO 11921; 1037bp; English.
XX
CC      The present invention describes substantially purified human proteins
CC      (referred to as open reading frame, ORFX, where X is 1-11491 (see Table 1
CC      in the specification). ABN15762 to ABN27252 encode the human ORFX
CC      proteins given in ABP0010 to ABP11500. ORFX proteins are useful for
CC      treating or preventing a pathology associated with an ORFX-associated
CC      disorder in humans, and in the manufacture of a medicament for treating a
CC      syndrome associated with ORFX-associated disorder. ORFX polynucleotide
CC      sequences can be used in gene therapy. ORFX sequences can be used in the
CC      treatment of cancer, hyperproliferative disorders, cirrhosis of liver,
CC      psoriasis, benign tumours, keloid, degenerative disorders, hemorrhage,
CC      osteoarthritis, neurodegenerative disorders, disorders related to organ
CC      transplantation, cardiovascular diseases, diabetes mellitus, systemic
CC      lupus erythematosus, hypertension, hypothyroidism, cholesterol ester
CC      storage disease, various immune deficiencies and disorders, infectious
CC      diseases, autoimmune disorders such as multiple sclerosis, rheumatoid
CC      arthritis, autoimmune thyroiditis, myasthenia gravis, graft-versus-host
CC      disease and autoimmune inflammatory eye disease. ORFX proteins are also
CC      useful for treating burns, incisions, ulcers, for treating osteoporosis,
CC      bone degenerative disorders, or periodontal disease, and for gut
CC      protection or regeneration and treatment of lung or liver fibrosis,
CC      reperfusion injury in various tissues and conditions resulting from
CC      systemic cytokine damage. N.B. The sequence data for this patent did not
CC      form part of the printed specification, but was obtained in electronic
CC      format directly from WIPRO at ftp.wipro.int/pub/published_pat_sequences
XX
SQ      Sequence 684 BP; 223 A; 105 C; 140 G; 216 T; 0 U; 0 Other;

```

Query Match 7.5%; Score 263.8; DB 6; Length 684;
 Best Local Similarity 70.0%; Pred. No. 1.2e-36;
 Matches 355; Conservative 0; Mismatches 152; Indels 0; Gaps 0;

Qy	1865	ACTCGTGAAGAAAGTGAATATTATTTAAAGTATATTTTGGTTGTTCCATACATTTGAA	1924
Db	1	ACCGGTGAAAAAGGTAGAGCTTTTCAATCCCTATTACTTGTGTCTGTTTCCATACATTTGAA	60
Qy	1925	GCTGATAAAGAAATCTGAAGATTATTTTAGAACCGATMAAYGTTTATATGTTGTTTCCAT	1984
Db	61	AATGATTAAGAGATCGAGAAATTAATCTTGAACTTATAAATGTTTACATGTTGTTTTAGG	120
Qy	1985	GATGGTATATTAAGCGTTCATTTTTCACCAATTTCTCATCCAGCAAAATGTTAGAAGAA	2044
Db	121	TCAGGTGCTTGAATTTTCAATTTTGAACCAATATACACTGTGCCAAATGTAAGAAAGCT	180
Qy	2045	GTTGCTCAATTGAAGATTATGTGCGATGTAGTGTGAATGGTAAATGTTATGCTTAATC	2104
Db	181	GTAAGACAAATTACGGACTATGTCAGTGTCAATTCAGATGGTATATGTTATGCTTAATC	240
Qy	2105	GATGAAATATACCGATGGTTTTGGCCCCCGATATCATGGAATTTGAATAGAAGCTGATGCC	2164
Db	241	GATGATATACAGAGATGTTTTGCTCGGTTATTCATCATCGATGAGTAAAGCTGATTCG	300
Qy	2165	ATTGAGATGCGGTTTTCACTGCTAGAGATATCTGAATTTTAGTAGATGTTACAAAGATT	2224
Db	301	ATTGATGATTCAGTGTATTATGACCCGTGATATGGAATTTTGGACGCAATGTTACAAAGATT	360
Qy	2225	GGTGAATCAAGAAAAAGTCATGACTTTAATGAGATTATATCAGGTAAAGCTGATGTC	2284
Db	361	GGTGAAGATGAGCCGTGAACAATGACGCTGATGAGACCTTTGAGCGGTAAAGCAGATGTT	420
Qy	2285	ATTAATAATGTTTGCTAAAGATGTCAMAGAAAGCTAATTCCTTCTCGTATTATATCA	2344
Db	421	ATCAAAAATGTTGGCCAAAAGATGTCAATGAATACTAATGATATTTGGCCAGTGTCTAAA	480
Qy	2345	CGTCATATTAATCTACAAACAACACAA	2371
Db	481	TCTCAAACTTAACATGCTGAATCTTACAA	507

XX
PS Disclosure; Page; 175pp; English.

Query Match 5.1%; Score 179.6; DB 8; Length 1992;

QY	1659	TTTTCCATTCGATCGAAGAAACATATTCATGCCCCGAAATTCATCAATTAGATAC	1718
Db	959	TTTTTCATCCGAATGCCAGAGCACTGTGCATGGCGCGAATCGGGGAACTGTGTCTCC	1018
QY	1719	CAGGTCAATCTGTTCGAGATTTATTTAGAAATG-----TGAAGAACTTGGTGGTTAG	1772
Db	1019	CTGGTGAATCTTTTCCGGGATCTCTTTCAACTTGGCCCGAGGAGAGTGTGTGTGGT	1078
QY	1773	ATTGTACTTGTCTTACTGATTCGGAAATGAAATGTTGGCCAAAGCATTTGGATTCATC	1832
Db	1079	ACGTACTCAATCCAAAGAGAGGAAGTGTGTGCATCTCGCGGGCAATTTTCCATCATC	1138
QY	1833	CTTTAATCTGCTGAAGATATTCGAATGCAAGAAATCTGTGAAAAAGTTGAATATTTAAAA	1892
Db	1139	CATGACTACGGAAGAAATCTTGACTCAAGAGCCGTGAAAGAGTGAGCTTTTCAAGC	1198
QY	1893	GTTATTTATTTTGGTTTGGTTCCATCTT-----TGAAGTGAATTAAGATCTGAAGATATT	1949
Db	1199	AATATTACTTTGTGTCTTCCGACATTTCTATCAGCTCGACACAGACGAAAGCTTCA	1258
QY	1950	TAGAACCGATTAAGTTATATTTGTGTTCATGATGATATTAACGTTCCATTTTT	2009
Db	1259	TGAGCCCGTCAACTTCATGATGGTTGTTTCCGCAAGGAGTCTCTCATTTCTCATTTCA	1318
QY	2010	CACCAATTTCTCATCCAGCAAAATTTGAGAAAGATTCCTCAATTAGAGATTATTCG	2069
Db	1319	CCGAGAAATCCACAGCCGCAAAATCTCGAAGAAATTTGGAAGCTTCGGATTAATGTGT	1378
QY	2070	ATGTTAGTGCATGTGGTTATGTTATGTAATCCCTTAATCGATGAAATTACCGATGGTTTGGC	2129
Db	1379	CCCTCAGTAGTGCATGATCTGTATATGCCATGATTTGACGACATTTGTTGAATAGTTTGGC	1438
QY	2130	CCGTGATTCATGGAATGGAATATGAGACTGATGCGATTTGAAGATCCGTTTTCATCTGCTA	2189
Db	1439	CTGTCAATCCGAGAAATTTGAAGATGGAATCTGAGAGCAATTTGAGAACCTGTGTTTCAATGGCGC	1498
QY	2190	GAGATCTGATTTTATGATATGTTACAAAGATTTGTGTGAATCAGAAGAAAAGCTCATGA	2249

Db 201 AGCTCCTGTCCTCCAGGTAGACGACCGAGATTGACCTGGTTTCCGATATTCGGCCA 142
 Oy 2910 TATTAAATTTTAAATTAATTTGATCATTTTATTTGCTCAATGNGGTT 2958
 Db 141 TTTTGATGATCCGCTGTTGCTCTGCTGTTTGTCTTCATGATGAGAT 93
 RESULT 8
 ABN76186
 ID ABN76186 standard; cDNA, 462 BP.
 XX
 AC ABN76186;
 XX
 DT 08-JUL-2002 (first entry)
 XX
 DE Human glycoprotein-like ORF1133 cDNA, SEQ ID NO:2265.
 XX
 KW Human; ORF; open reading frame; ORFX; drug screening; diagnosis;
 KW disease monitoring; cytokine; cell proliferation; cell differentiation;
 KW immune modulation; haematopoiesis regulation; tissue growth;
 KW angiogenesis; activin; inhibin; chemotactic; chemokinetic; haemostatic;
 KW thrombolytic; tumour inhibition; bodily characteristics; fertility;
 KW behaviour; cancer; proliferative disorder; neurological disorder;
 KW cardiovascular disease; immune system disorder; organ transplantation;
 KW tissue growth disorder; tissue regeneration disorder; diabetes mellitus;
 KW hypothyroidism; cholesterol ester storage disease; infection; vulnerability;
 KW vasotropic; antidiabetic; cytosolic; nocrotropic;
 KW neuroprotective; antiatherosclerotic; anticoagulant; thrombolytic;
 KW cardiac; hypotensive; antihypertoid; antiinflammatory; immunomodulator;
 KW dermatological; analgesic; virucide; antibacterial; fungicide; gene; ss.
 OS Homo sapiens.
 XX
 FN WO200190366-A2.
 PD 29-NOV-2001.
 XX
 PF 24-MAY-2001; 2001WO-US017076.
 XX
 PR 24-MAY-2000; 2000US-0206690P.
 XX
 PA (CURA-) CURAGEN CORP.
 PI Leach MD, Shimkets RA;
 XX
 DR WPI: 2002-106200/14.
 DR P-PSDB; ABP32160.
 XX
 PT Novel human polypeptides and polynucleotides useful for diagnosing,
 PT preventing and treating cardiovascular disease, neurodegenerative,
 PT hyperproliferative disorders and disorders related to organ
 PT transplantation.
 PS Claim 1; Page 829-830; 2508pp; English.
 CC Sequences ABP31028-ABP35561 represent 4534 novel human proteins
 CC designated ORF (open reading frame) 1-4534, and sequences ABN75054-
 CC ABN79587 represent cDNAs encoding them. The invention also encompasses
 CC polypeptides at least 80% identical to the ORF1-ORF4534 (collectively
 CC referred to as ORFX) proteins, polynucleotides at least 85% identical to
 CC the ORFX nucleic acid sequences, vectors and host cells comprising ORFX
 CC polynucleotides, the recombinant production of ORFX proteins, antibodies
 CC specific for ORFX proteins, methods of detecting ORFX polynucleotides and
 CC polypeptides, methods of screening for modulators of ORFX expression or
 CC activity, and methods of screening individuals for a predisposition to an
 CC ORFX-associated disorder. The ORFX proteins of the invention have a wide
 CC range of biological activities, such as cytokine, cell proliferation,
 CC cell differentiation, immune modulation, haematopoiesis regulation,
 CC tissue growth, angiogenesis, activin or inhibin activity, chemotactic/
 CC chemokinetic activity, haemostatic activity, thrombolytic activity,
 CC receptor/ligand, antiinflammatory activity, tumour inhibition activity,
 CC and antiinfective activity, and may also be involved in the determination

CC of bodily characteristics, fertility and behaviour. ORFX proteins,
 CC nucleic acids and antibodies may be used in the treatment of cancers,
 CC other proliferative disorders such as psoriasis and benign tumours,
 CC neurological disorders such as epilepsy and Alzheimer's disease,
 CC cardiovascular diseases, immune system disorders, disorders related to
 CC organ transplantation, disorders of tissue growth and regeneration,
 CC diseases such as diabetes mellitus, hypothyroidism, and cholesterol ester
 CC storage disease, and infectious diseases caused by viral, bacterial,
 CC fungal and other pathogens. ORFX nucleic acids may also be used as a
 CC source of primers and probes, in the detection of ORFX genomic sequences
 CC or transcripts, in the identification and cloning of homologous
 CC sequences, in genetic diagnosis, and in forensic biology. The ORFX
 CC nucleic acids may additionally be used to produce transgenic animals
 CC which may be useful for studying the function and/or activity of ORFX
 CC protein, and in drug screening. The ORFX proteins may also be used as
 CC immunogens to generate specific antibodies, which are useful in the
 CC diagnosis, treatment and monitoring of ORFX-associated diseases
 CC
 SQ Sequence 462 BP; 149 A; 83 C; 105 G; 125 T; 0 U; 0 Other;
 XX
 Query Match 3.3%; Score 118; DB 6; Length 462;
 Best Local Similarity 67.5%; Pred. No. 3.2e-11;
 Matches 166; Conservative 0; Mismatches 80; Indels 0; Gaps 0;
 Oy 1625 ATTATGAGGTTTCATTACTGATAGATTTCCTTTCATTTCGATCAGAGAAACT 1684
 Db 217 AATACAGATATCAAAATTCCTAGTAGATTTCCTTCCTCGATCAGATGAAACT 276
 Oy 1665 ATTCATGCCCCGATATTCATTCATTAGTACACAGGTCATATCTGTCAGATTATTT 1744
 Db 277 GTGATGCTAGTGAATATCCTTTTGTGATTCGAGGAGACAGACGTTTATGAGTTATTC 336
 Oy 1745 AGAATGTTGAAGAACTTGTTGATGATGTTCTTCTACATGATTCGAAATGAA 1804
 Db 337 AAGGAGGCGATCCACGCTGATGTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 396
 Oy 1805 ATGTTGGCCAAAGATTGTTGATTCATCCCTTAACTGCTGAAGATTCGATGCAAGA 1864
 Db 397 TGCATAGCAAAAACATTTTGAATCATCTTTTGAACCGGGAAGATTCAGATGCAAGA 456
 Oy 1865 ACTGCT 1870
 Db 457 ACGCGT 462
 RESULT 9
 ABZ10246
 ID ABZ10246 standard; DNA; 8056 BP.
 XX
 AC ABZ10246;
 XX
 DT 16-JAN-2003 (first entry)
 XX
 DE Haematopoietic cell proliferation disorder related DNA sequence #386.
 XX
 KW Human; haematopoietic cell proliferation disorder; cytostatic;
 KW gene therapy; lymphocytic leukaemia; acute myelogenous leukemia;
 KW cytosine methylation state; gene; ds.
 OS Homo sapiens.
 XX
 PN WO200277272-A2.
 XX
 PD 03-OCT-2002.
 XX
 PF 26-MAR-2002; 2002WO-EP003401.
 XX
 PR 26-MAR-2001; 2001US-0278333P.
 XX
 PA (BPIG-) EPIGENOMICS AG.
 PI Berlin K, Braun A, Distler J, Guelzig D, Howe A, Mueller J,
 Olek A, Piepenbrock C, Adorjan P, Grabs G, Leesche R, Lau B;

PI Lewin A, Lipocher E, Maier S, Model F, Mueller V, Otto T, Pelet C;
 PI Schwope I, Ziebarth H;
 XX MPI, 2003-018942/01.

PT Detecting and differentiating between hematopoietic cell proliferative
 PT disorders, comprises contacting a target nucleic acid with a reagent that
 PT distinguishes between methylated and non-methylated CpG dinucleotides.

PS Claim 28; SEQ ID NO 386; 117bp; English.

XX The present invention describes a method for detecting and
 CC differentiating between hematopoietic cell proliferative disorders
 CC associated with at least 1 gene and/or their regulatory regions in a
 CC subject. The method comprises contacting a target nucleic acid in a
 CC biological sample obtained from the subject with at least 1 reagent,
 CC which distinguishes between methylated and non-methylated CpG
 CC dinucleotides within the target nucleic acid. AB209861 to AB211118
 CC represent specifically claimed nucleotide sequences from the present
 CC invention. Oligonucleotides from the present invention can be used: for
 CC differentiating between healthy hematopoietic cells and proliferative
 CC disorder hematopoietic cells; for differentiating between acute
 CC lymphocytic leukemia and acute myelogenous leukemia; as probes for
 CC determining the cytosine methylation state and/or single nucleotide
 CC polymorphisms (SNPs) of hematopoietic cell proliferation disorder
 CC related sequences and their complements; and as primers for the
 CC amplification of hematopoietic cell proliferation disorder related DNA
 CC sequences. The nucleotide sequences from the present invention can also
 CC be used for detecting a predisposition to, differentiation between
 CC subtypes, diagnosis, prognosis, treatment and/or monitoring of
 CC hematopoietic cell proliferative disorders. The present method enables a
 CC highly specific classification of hematopoietic cell proliferative
 CC disorders allowing for improved and informed treatment of patients

Sequence 8056 BP; 3711 A; 0 C; 371 G; 3974 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 3.3%; Score 117.6; DB 8; Length 8056;
 Best Local Similarity 42.2%; Pred. No. 5.8e-11;
 Matches 1426; Conservative 0; Mismatches 1911; Indels 43; Gaps 12;

QY 169 TTAATATTAAGATNTCCATTTTTTTTTTTCACCAAGCTAGAAAATTTTGTGT 228
 DB 1404 TTTTTTTTATTTTTTATTTTTTTTTTAAAAAAAATTTAAATTTTTTAAT 1463
 QY 229 CTAAACAATAATATATTTTACAGAAATGCTCAAAATATAATTAATTAATTA 288
 DB 1464 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1522
 QY 289 ATATAATTAAGATATATCTCCCTTTGTTTTTTTTTTCTCCAGCCAGTCCGATG 348
 DB 1523 ATGTTAAAAAATTTTAAATTAATTAATTTTAAAAAATTAATTAATTTAAAT 1582
 QY 349 TGAAGCTATTTTCAAAATCACTAATCACTAATCTTCAATCGAGAGATTT 408
 DB 1583 TTTAATTTATTTTATTTAATTTTAAATTTTAAAAATGAATTAATGTAATTT 1642
 QY 409 GGATGATCATAGAAATCAATCACTAATGATGTCATTAAGTAGAGATGAGTT 468
 DB 1643 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1702
 QY 469 GGAATTAATAATCAAGATTGAATCGAAGTTGTAAGCAAAACAAACAATCA 528
 DB 1703 -ATTATTAATTAATTAATTAATTAATTTAAATTTAAATTAATTAATTA 1759
 QY 529 TCAAGAGATTAATGATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAATGATTAAT 588
 DB 1760 -AATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1817
 QY 589 GAAAAATATCTAATCTTAACGATTAAGATGAATTAACCACTAAGATTTCTGTCG 648
 DB 1818 AAAATTAATTAATTTGTTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1877
 QY 649 TGATGATTAATTAACAGCGGTCACAAAAATCGTAATTAATTAACATGATTCATTA 708

DB 1878 TTTTATTTTTTTTATTAATAAAAAATTTTATTAATAAAAAATTAATTAATTA 1937
 QY 709 AGATTTTTTATTTAAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 768
 DB 1938 ATATTAATTAATAAATTAATTAATTTTAAAAATTAATTAATTAATTTTAAAA 1997
 QY 769 A--ATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGA 825
 DB 1998 ATTTAAATTAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 2057
 QY 826 AAGAAATTCGAATTTGAAAAATTTACCTCATTAATTAATAAAGAAACCAATGGCGTAA 885
 DB 2058 AAAAAATTTTATTAATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2116
 QY 886 TAAATTCATTAATTTTGAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 945
 DB 2117 TAAATTTAATTAATTTTATTTTATTAATAAATTAATAAATTAATAAATTAAT 2176
 QY 946 TAGTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1005
 DB 2177 TTTATTTAAAAATTTAAAAAATTAATAAATTAATAAATTAATAAATTTTAA 2236
 QY 1006 TACAACCTTGCTGCTGGAATCGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTAT 1065
 DB 2237 TAAAAATTTATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 2296
 QY 1066 TA---GAAAGCAATCTGCTCATCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1121
 DB 2297 TATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAA 2356
 QY 1122 CATCTGAAGAACTGAAGAGATTTGTTTCCATAGCTGCTGATCATTAAGATTA 1181
 DB 2357 TAAATTTTATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTA 2416
 QY 1182 ATGAATTAATTTGATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1241
 DB 2417 AAATTAATTTATTTTATTTTAAAAATTAATTTTATTTTATTTTATTAATTTTAT 2476
 QY 1242 TACAAAAACAATGATTCCTAAAAATTTCTGCTATTAATTAATTAATTTTCA 1301
 DB 2477 TATTTTGTTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2536
 QY 1302 AAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1361
 DB 2537 AAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2596
 QY 1362 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1421
 DB 2597 AAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2656
 QY 1422 AAATTAATTTTAAAGAAACATTAATCAAGATTTGAATTTTACTCATGAATAAT 1481
 DB 2657 TAAATTTTAAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2716
 QY 1482 CAGAAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1541
 DB 2717 TAAAAATTAATTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTGTTAA 2776
 QY 1542 TATCATTAATCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1601
 DB 2777 TTTAATTAATTAATTAATTAATTTTGTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTT 2836
 QY 1602 GTGAGCAAGAAAT--TTCTGATGGATTAATGAAGTTTCAATTAATTAATTAAT 1660
 DB 2837 TTTAATTAATTAATTAATTAATTTTGAATTTTATTAATTAATTAATTAATTA 2896
 QY 1661 TTCAATTCGAATCAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1720
 DB 2897 AAAATTTGAATTAATTAATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 2953
 QY 1721 GGTCAATCTGTTGCAATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTT 1780


```

Db      959 TTTTCTCATCCGAGTCCAGACACTGTGATCGGCGGAACTGTGTCTCC 1018.
Qy      1719 CAGGTCAATCTGTGTGAGATTATTTAGAAATG-----TGAAGAACTGGTGTAG 1772
Db      1019 CTGGGATACCTTCCGGATCTCTTCAACTGTGCCCCGAGAGAGTGTGTGTGG 1078
Qy      1773 ATTGACTGTCTTACTGATTCGAAATGAAATGTTGGCCAAACATTTGGTATTCATC 1832
Db      1079 ACGTACTCAATCCAGAGAGAGAGAGTGTGCACTCTCCGGGCAATTTTCAATCCATC 1138
Qy      1833 CTTTACTGCTGAGAGATTTGGAATGCAAGAACTGTGAAAAAGTTGAATTTAAAA 1892
Db      1139 CACTGACTACGGAAGATATCTTGACTCAAGAACCCGTAAGAAAGTTCAGCTTTCAAGC 1198
Qy      1693 GTTATTTATTTGTTGTTTCCAACTTT---TGAAGCTGATTAAGATCTGAAGTATTT 1949
Db      1199 AATATTACTTGTGTCTGCTTCGGAACATTTCACTGACACAGACAGAACCTTCA 1258
Qy      1950 TAGAACCGATAAATGTTATATTTGTTTCCATGATGTTATTTAAAGTTTCAATTTT 2009
Db      1259 TGGAGCCCGTCACTTCACTCAATGTTGTTTCCGAGAGGTCTCTCATTTCTCATCA 1318
Qy      2010 CACCAATTTCTCATCCAGCAAAATGTTAGAGAGAGTTGCTCATTTGAGATTAATGTCG 2069
Db      1319 CCGAATATCCACACGCGGCAAAATGTCAGGAAGAGATTTGGAAAGCTTGATTAATGTCG 1378
Qy      2070 ATGTTAGTCTGATGTTGTTATGTTATGCTTAAATC----- 2104
Db      1379 CCTCATAGTAGTCACTGATCTGTATATGCTATATTAAGTCAAGAGCGGTGATTTCTAA 1438
Qy      2105 -----GATGAAATTAACGATGTTGTCCTCCGCT 2133
Db      1439 TGAGACCGCTAGTCTTCAACGTGGCAAGTACACATGTTGATAGTTTGGGCTGT 1498
Qy      2134 GATTCAGGAAATGGAATATGAAGCTGATGCCATTTGAAGATGCGTTTCACTGCTAGAGA 2193
Db      1499 CATCCGAGAGATTTGATGCAATGCAATTTGAGGCAATTTGAGGACCTGTTTCACTGCGCGGT 1558
Qy      2194 TACTGATTTTGTAGTATGTTTCAAGAAATGTTGTAATCAAGAAAGTCAATGACTTT 2253
Db      1559 CGACGATTTTGAATCTTCTTCAACGCGAATCGTGGCTTCTGTAAGAAAGTCAATGACTTT 1618
Qy      2254 AATGAGATTTATATCAGGTAAGTGTATGATTAATAATGTTGCTAAAGATGTCAGAA 2313
Db      1619 GATGCGCTTTAGTGTGCAAGACAGATGTCATTTGCGGTTTCTCAAGCGTTTCAAGCA 1678

```

RESULT 12

ABT18799 standard; DNA, 2048 BP.

```

ID      ABT18799 standard; DNA, 2048 BP.
XX      AC      ABT18799;
XX      DT      16-APR-2003 (first entry)
XX      DE      Aspergillus fumigatus essential gene #1157.
XX      KW      Fungicide; cytosstatic; essential gene; Aspergillus fumigatus; infection;
XX      OS      cancer; contamination; biofilm; antibody; immune response; ds.
XX      AS      Aspergillus fumigatus.
XX      EN      WO200286090-A2.
XX      PD      31-OCT-2002.
XX      PF      23-APR-2002; 2002MO-US013142.
XX      PR      23-APR-2001; 2001US-0285697P.
XX      PR      27-APR-2001; 2001US-0287066P.
XX      PR      05-JUN-2001; 2001US-0295890P.
XX      PR      01-JUL-2001; 2001US-0303899P.
XX      PR      31-AUG-2001; 2001US-0316362P.

```

```

XX      (ELIT-) ELITRA PHARM INC.
XX      PA      Jiang B, Tishkoff D, Zamudio C, Eroshkin AM, Hu W, Lemieux SM;
XX      PI      WPI; 2003-093124/08.
XX      DR      New purified or isolated nucleic acids of essential genes of Aspergillus
XX      PT      fumigatus, useful for treating or preventing infections by A. fumigatus,
XX      PS      or for treating a non-infectious disease in a subject e.g. cancer.
XX      PP      Disclosure; Page; 175pp; English.
XX      CC      The invention relates to novel purified or isolated nucleic acids of
XX      CC      essential genes of Aspergillus fumigatus. The isolated nucleic acids of
XX      CC      the invention are used to treat or prevent infections by a pathogenic
XX      CC      organism such as A. fumigatus, to treat a non-infectious disease in a
XX      CC      subject (e.g. cancer), to prevent or inhibit formation of an object
XX      CC      by A. fumigatus, or to prevent or inhibit formation on a surface of a
XX      CC      biofilm comprising A. fumigatus. The polynucleotides are useful for
XX      CC      expressing recombinant protein for characterisation, screening or
XX      CC      therapeutic use, as markers for host tissues in which the pathogenic
XX      CC      organisms invade or reside, for comparing with the DNA sequence of A.
XX      CC      fumigatus to identify duplicated genes or paralogues having the same or
XX      CC      similar biochemical activity and/or function, for comparing with DNA
XX      CC      sequences of other related or distant pathogenic organisms to identify
XX      CC      potential orthologous essential or virulence genes, for selecting and
XX      CC      making oligomers for attachment to a nucleic acid array for examination
XX      CC      of expression patterns, for raising anti-protein antibodies, as an
XX      CC      antigen to raise anti-DNA antibodies or to elicit another immune
XX      CC      response, and for identifying polynucleotides encoding the other protein
XX      CC      with which binding occurs or to identify inhibitors of the binding
XX      CC      interaction. The polypeptides may be used to raise antibodies or to
XX      CC      elicit immune response, as a reagent in assays designed to quantitatively
XX      CC      determine levels of the protein in biological fluids, as a marker for
XX      CC      host tissues in which pathogenic organism invade or reside, and to
XX      CC      isolate correlative receptors or ligands in the case of virulence
XX      CC      factors. This polynucleotide sequence represents one of the essential
XX      CC      genes of Aspergillus fumigatus of the invention
XX      SQ      Sequence 2048 BP; 473 A; 520 C; 540 G; 515 T; 0 U; 0 Other;
XX
XX      Query Match      3.2%; Score 113.6; DB 8; Length 2048;
XX      Best Local Similarity 52.2%; Pred. No. 2.3e-10;
XX      Matches 376; Conservative 0; Mismatches 279; Indels 65; Gaps 3;

```


QY 2070 ATGTTAGTCTGATGTTATGTTATGCTTAATC----- 2104
 DB 1379 CCTCAGTAGAGACGTCGATCTGTTATGCAATGTAAGTCAAGAGGCGTATTTCTAA 1438
 QY 2105 -----GATGAATTAACCAATGCTTTTGC----- 2133
 DB 1439 TGAGACCGCTAGTCTTAACGTTGACAGTGCACATGTTGATGTTTGGCCCTGT 1498
 QY 2134 GATTCATGAATGTAATGTAAGTGCATGAGCCATGAGATGCGCTTTCACCTGCTAGAGA 2193
 DB 1499 CATCCGAGAGATGAGATCGAATCTGAGGCAATTAAGACCTCGTTTTCATGCGCGCGT 1558
 QY 2194 TACTGATTTAGTACTATGTTACAAAGATTGATCAAGAGAAAAGTCATGACTTT 2253
 DB 1559 CGACGATTTTGAATCTTCTTAACCGCAATCGTGCGCTTGCTGAAGAGTCATGAGCTT 1618
 QY 2254 AATGAGATTTATTCAGATGAAGCTGATGTCATTTAAATGTTGCTAAAGATGTCAGA 2313
 DB 1619 GATGCGCCTTCTTAGGTGGCAAGCAGATGTCATTCGCGGTTTCTCAAGCGTTGCAACGA 1678

RESULT 13

ABT18205 standard; DNA; 4048 BP.

ABT18205;

16-APR-2003 (first entry)

Aspergillus fumigatus essential gene #563.

Function: cytosolic; essential gene; Aspergillus fumigatus; infection; cancer; contamination; biofilm; antibody; immune response; de.

Aspergillus fumigatus.

WO200286090-A2.

31-OCT-2002.

23-APR-2002; 2002WO-US013142.

23-APR-2001; 2001US-0285697P.

27-APR-2001; 2001US-0287066P.

05-JUN-2001; 2001US-0295890P.

09-JUL-2001; 2001US-0303899P.

31-AUG-2001; 2001US-0316362P.

(ELIT-1) ELITRA PHARM INC.

Jiang B, Tishkoff D, Zamudio C, Eroshkin AM, Hu W, Lemieux SM;

WPI; 2003-093124/08.

New purified or isolated nucleic acids of essential genes of Aspergillus

fungigatus, useful for treating or preventing infections by A. fumigatus,

or for treating a non-infectious disease in a subject e.g. cancer.

Disclosure; Page; 175pp; English.

The invention relates to novel purified or isolated nucleic acids of

essential genes of Aspergillus fumigatus. The isolated nucleic acids of

the invention are used to treat or prevent infections by a pathogenic

organism such as A. fumigatus, to treat a non-infectious disease in a

subject (e.g. cancer), to prevent or inhibit formation of an object

by A. fumigatus, or to prevent or inhibit formation on a surface of a

biofilm comprising A. fumigatus. The polynucleotides are useful for

expressing recombinant protein for characterisation, screening or

therapeutic use, as markers for host tissues in which the pathogenic

organisms invade or reside, for comparing with the DNA sequence of A.

fungigatus to identify duplicated genes or paralogues having the same or

similar biochemical activity and/or function, for comparing with DNA

CC sequences of other related or distant pathogenic organisms to identify
 CC potential orthologous essential or virulence genes, for selecting and
 CC making oligomers for attachment to a nucleic acid array for examination
 CC of expression patterns, for raising anti-protein antibodies, as an
 CC antigen to raise anti-DNA antibodies or to elicit another immune
 CC response, and for identifying polynucleotides encoding the other protein
 CC with which binding occurs or to identify inhibitors of the binding
 CC interaction. The polypeptides may be used to raise antibodies or to
 CC elicit immune response, as a reagent in assays designed to quantitatively
 CC determine levels of the protein in biological fluids, as a marker for
 CC host tissues in which pathogenic organism invade or reside, and to
 CC isolate correlative receptors or ligands in the case of virulence
 CC factors. This polynucleotide sequence represents one of the essential
 CC genes of Aspergillus fumigatus of the invention
 CC XX

Sequence 4048 BP; 925 A; 1043 C; 960 G; 1120 T; 0 U; 0 Other;

Query Match 3.2%; Score 113.6; DB 8; Length 4048;
 Best Local Similarity 52.2%; Pred. No. 2.6e-10;
 Matches 376; Conservative 0; Mismatches 279; Indels 65; Gaps 3;

QY 1659 TTTTCATTCGATGATCAGAGAACTATTCATGCCCCGATATTCATCATAGATAC 1718
 DB 1959 TTTTCTATCCGATCCAGACCTGCGATGCGGGAATCGGGGACCTTGCTCC 2018
 QY 1719 CAGGTCAATCTGTTGAGATTTATTAAGAAATG-----TGAAGAACTTGCTGTTAG 1772
 DB 2019 CTGGATGATACCTTCCGGGATCTCTTCAACTTGCCCGAGGAGGTGTGTGGTGTGG 2078
 QY 1773 ATTGATCTGTCCTACATGATTCGAAATGAAATGTTGCGCAAGCATTTGATATC 1832
 DB 2079 ACGTACTCAATCAACAGAGAGAGAGTGTCTGCACTCTCCGGGCAATTTCCATC 2138
 QY 1833 CTTTAAGTCTGAGAGATTTGGAATGCAAGAACTCGTGAAGAAAGTTGAATTTAA 1892
 DB 2139 CACTGACTACGAGAGATATCTTGACTCAGAGAGCCCGTGAAGTGCAGCTTTCAAGC 2198
 QY 1893 GTTATATTTTGTGTTGTTTCATCTT--TGAAGTGAATGAAGATCTGAAGATT 1949
 DB 2199 AATATTAATCTTGTCTGCTCCGACATTCATCAGTCGACAGACAGACAGACGCTTCA 2258
 QY 1950 TGAAGCCGATAAAGTTTATATTTGTTTCCATGATGATATTTAAGTTCCATTTT 2009
 DB 2259 TGAAGCCGATCACTTCAATGTTGTTTCCGAGAGGTGCTCTCATTTTCATTCA 2318
 QY 2010 CACCAATTTCTCATCCAGCAATATGTAGAGAGAGAGTTCGTAATGAGATTAATGCG 2069
 DB 2319 CCGAGATCCACAGCGCGCAATGTCAGAGAGAGATTTGGAGAGCTTGATTAATGCT 2378
 QY 2070 ATGTTAGTCTGATGTTATGTTATGCTTAATC----- 2104
 DB 2379 CCTCAGTAGAGACGTCGATCTGTTATGCAATGTAAGTCAAGAGGCGTATTTCTAA 2438
 QY 2105 -----GATGAATTAACCAATGCTTTTGC----- 2133
 DB 2439 TGAGACCGCTAGTCTTAACGTTGACAGTGCACATGTTGATGATTTTGGCCCTGT 2498
 QY 2134 GATTCATGAATGTAATGTAAGTGCATGAGCCATGAGATGCGCTTTCACCTGCTAGAGA 2193
 DB 2499 CATCCGAGAGATGAGATCGAATCTGAGGCAATTAAGAACCTCGTTTTCATGCGCGCGT 2558
 QY 2194 TACTGATTTAGTACTATGTTACAAAGATTGATCAAGAGAAAAGTCATGACTTT 2253
 DB 2559 CGACGATTTTGAATCTTCTTAACCGCAATCGTGCGCTTGCTGAAGAGTCATGAGCTT 2618
 QY 2254 AATGAGATTTATTCAGATGAAGCTGATGTCATTTAAATGTTGCTAAAGATGTCAGA 2313
 DB 2619 GATGCGCCTTCTTAGGTGGCAAGCAGATGTCATTCGCGGTTTCTCAAGCGTTGCAACGA 2678

RESULT 14

ABT20019 standard; DNA; 4048 BP.

GenCore version 5.1.6
Copyright (c) 1993 - 2005 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: April 14, 2005, 14:06:59 ; Search time 562 Seconds
(without alignments)

10263.124 Million cell updates/sec

Title: US-10-018-105-3
Perfect score: 3525
Sequence: 1 tacaataataataataata.....tcaattatcataatgttc 3525

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapept 1.0

Searched: 1202784 seqs, 818138359 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 2405568

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : Issued Patents NA:
1: /cgn2_6/ptodata/1/ina/5A_COMB.seq:*
2: /cgn2_6/ptodata/1/ina/5B_COMB.seq:*
3: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6A_COMB.seq:*
4: /cgn2_6/ptodata/1/ina/6B_COMB.seq:*
5: /cgn2_6/ptodata/1/ina/PCRTS_COMB.seq:*
6: /cgn2_6/ptodata/1/ina/backfiles1.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	2155.2	61.1	2358	US-09-248-796A-6328	Sequence 6328, Ap
2	423.8	12.0	507	US-09-248-796A-6327	Sequence 6327, Ap
3	168.2	4.8	537	US-08-998-416-66	Sequence 66, Appl
4	118.2	3.4	2445	US-09-248-796A-6302	Sequence 6302, Ap
5	73.4	2.1	708	US-09-248-796A-10622	Sequence 10622, A
6	71.8	2.0	19124	US-08-487-826B-13	Sequence 13, Appl
7	68.8	2.0	1141	US-09-806-708B-22	Sequence 22, Appl
8	68	1.9	767677	US-09-949-016-12147	Sequence 12147, A
9	68	1.9	29717	US-09-949-016-17361	Sequence 17361, A
10	67.6	1.9	60376	US-09-949-016-12423	Sequence 12423, A
11	67.6	1.9	14066	US-09-601-198-56	Sequence 56, Appl
12	66.8	1.9	19436	US-09-949-016-12699	Sequence 12699, A
13	66.4	1.9	26000	US-09-843-376-10	Sequence 10, Appl
14	66	1.9	205044	US-09-949-016-15851	Sequence 15851, A
15	65.8	1.9	205044	US-09-949-016-15851	Sequence 15852, A
16	65.8	1.9	205044	US-09-949-016-15852	Sequence 15853, A
17	65.8	1.9	205044	US-09-949-016-15853	Sequence 12887, A
18	65.8	1.9	223471	US-09-949-016-12724	Sequence 12724, A
19	65.8	1.9	223471	US-09-949-016-12724	Sequence 12725, A
20	65.8	1.9	223471	US-09-949-016-12725	Sequence 12725, A
21	65.2	1.8	1037	US-09-181-585-3	Sequence 3, Appl
22	65.2	1.8	1159	US-09-181-585-1	Sequence 1, Appl
23	65.2	1.8	1471	US-09-181-585-2	Sequence 2, Appl
24	65	1.8	18773	US-09-949-016-14164	Sequence 14164, A
25	64	1.8	1141	US-09-806-708B-22	Sequence 22, Appl
26	63.6	1.8	119153	US-09-949-016-12378	Sequence 12378, A
27	63.4	1.8	837	US-08-998-416-288	Sequence 288, App

28	63.4	1.8	187169	US-09-949-016-12776	Sequence 12776, A
29	63.4	1.8	191569	US-09-949-016-15940	Sequence 15940, A
30	62.4	1.8	114139	US-09-949-016-16536	Sequence 16536, A
31	61.8	1.8	129415	US-09-949-016-16997	Sequence 16997, A
32	61.8	1.8	147382	US-09-949-016-16624	Sequence 14624, A
33	61.4	1.7	187169	US-09-949-016-12776	Sequence 12776, A
34	61.4	1.7	191569	US-09-949-016-15940	Sequence 15940, A
35	61.2	1.7	731	US-08-451-405A-2	Sequence 2, Appl
36	61.2	1.7	3095	5231168-1	Patent No. 5231168
37	61.2	1.7	3095	5231168-1	Patent No. 5231168
38	61	1.7	1208	US-09-949-016-379	Sequence 379, App
39	61	1.7	1208	US-09-949-016-4309	Sequence 4309, App
40	61	1.7	194537	US-09-949-016-12928	Sequence 12928, A
41	61	1.7	201529	US-09-949-016-12740	Sequence 12740, A
42	60.8	1.7	451924	US-09-949-016-12896	Sequence 12896, A
43	60.8	1.7	451925	US-09-949-016-12305	Sequence 12305, A
44	60.6	1.7	615	US-08-998-416-186	Sequence 186, App
45	60.6	1.7	1039	US-09-902-540-1280	Sequence 1280, App

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-09-248-796A-6328
; Sequence 6328, Application US/09248796A
; Patent No. 6747137
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Keith Weinlock et al
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO CANDIDA ALBICANS
; FILE REFERENCE: 107196.132
; CURRENT FILING DATE: 1999-02-12
; PRIOR FILING DATE: 1998-02-13
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/074,725
; PRIOR FILING DATE: 1998-02-13
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 28208
; SEQ ID NO 6328
; LENGTH: 2358
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Candida albicans
US-09-248-796A-6328

Query Match 61.1%; Score 2155.2; DB 4; Length 2358;
Best Local Similarity 97.2%; Pred. No. 0;
Matches 2293; Conservative 0; Mismatches 23; Indels 44; Gaps 8;

QY	285	ATTAATATTAATTAAGATATATCTCCCTTTGTTTTTTTTTTCTCCAGCATGTCG	344
DB	1	ATAAATAATTAATTAAGATATATCTCCCTTTGTTTTTTTTTTCTCCAGCATGTCG	58
QY	345	ATAGGAAGTATATATCAATCACTACTAATCACTAATCTAGATCTGAAG	404
DB	59	ATAGGAAGTATATATCAATCACTACTAATCACTAATCTAGATCTGAAG	118
QY	405	TATGATGATCAATGAATCAATCACTAATGATGTCATGATGATGAAGT	464
DB	119	TATGATGATCAATGAATCAATCACTAATGATGTCATGATGATGAAGT	178
QY	465	AGTGGATTAATTAATCAATTAATGAATGAAGTTGTAAGGCAAA-----	512
DB	179	AGTGGATTAATTAATCAATTAATGAATGAAGTTGTAAGGCAAA-----	238
QY	513	AACAACAACATCATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT	572
DB	239	AACAACAACATCATCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT	298
QY	573	CTGGTTCTTCAATTAAGAAAAATCTAATCTTACGATTAAGATTAACCA	632
DB	299	CTGGTTCTTCAATTAAGAAAAATCTAATCTTACGATTAAGATTAACCA	358

QY	633	TGAGTTTACTGCTGATGATGATCACTAATACAGCGGTCACAAAATGTAATTATACA	692
Db	359	TGAGTTTACTGCTGATGATGATCACTAATACAGCGGTCACAAAATGTAATTATACA	418
QY	693	TGAGTTCATTACGTAAAGATTTTATTAAAGATATATCTGACGACAACTCTACTAAT	752
Db	419	TGAGTTCATTACGTAAAGATTTTATTAAAGATATATCTGACGACAACTCTACTAAT	478
QY	753	ATCATATCTCATTTGGAAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAAT	812
Db	479	ATCATATCTCATTTGGAAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAATTCGAAT	538
QY	813	CTAATTAATCAAGAGAAATCTCAAATGGAAATTTTACCTCCATTAATTAAGAAAA	872
Db	539	CTAATTAATCAAGAGAAATCTCAAATGGAAATTTTACCTCCATTAATTAAGAAAA	598
QY	873	CAATTTGGTGTATATATCTAATATTTGAAATGATTTAGTTAGTCCATGACAAAA	932
Db	599	CAATTTGGTGTATATATCTAATATTTGAAATGATTTAGTTAGTCCATGACAAAA	658
QY	933	TGAAAACTATATGATGTAAGATTTACTTA--TACTAGACCACTGTATCTATGTA	989
Db	659	TGAAAACTATATGATGTAAGATTTACTTA--TACTAGACCACTGTATCTATGTA	718
QY	990	AACCTTGTTATTTGGTGTACAAACCTTGTTGGTGGAACTGTACTACCGCACTGCACTG	1049
Db	719	AACCTTGTTATTTGGTGTACAAACCTTGTTGGTGGAACTGTACTACCGCACTGCACTG	778
QY	1050	CCACTGCTGCTGCTG-----TGGTGAAGACCAATCTCGTTCAATCTATGTAATGTAAG	1100
Db	779	CCACTGCTGCTGCTGCTGCTGTTGGTGGTGAAGACCAATCTCGTTCAATCTATGTAATG	838
QY	1101	CTGATTTCTATGTCATCAAGATCATCTCGAAGAACTGAGAGAGATGTTGTTTCTATGG	1166
Db	839	CTGATTTCTATGTCATCAAGATCATCTCGAAGAACTGAGAGAGATGTTGTTTCTATGG	898
QY	1161	TTGGTGAATCATATAGTGAATTAAGAAATGATTTTGAAGAAATGATGAATTTATTAAG	1220
Db	899	TTGGTGAATCATATAGTGAATTAAGAAATGATTTTGAAGAAATGATGAATTTATTAAG	958
QY	1221	AAGAAAGAGAGAGAGCTTATTTACAAAACAATGATTTGCTAAAAATTTCTGCTATTTG	1280
Db	959	AAGAAAGAGAGAGAGCTTATTTACAAAACAATGATTTGCTAAAAATTTCTGCTATTTG	1018
QY	1281	ATGAATTTCAAAATCTTTCCAAAAATATATATCTATAGTGTGCATCTGTCATCATATC	1340
Db	1019	ATGAATTTCAAAATCTTTCCAAAACTAAATATCTATAGTGTGCATCTGTCATCATATC	1078
QY	1341	ATCATACAGTATATTAATTAAGAAAAATTAATGGTGGTGAATG---GTGGTGTCTACTA	1397
Db	1079	ATCATACAGTATATTAATTAAGAAAAATTAATGGTGGTGAATG---GTGGTGTCTACTA	1138
QY	1398	TGGCAGCATTTAAATATATCTCCAAAAATATTTTAAAGAAAACTTTATCAGATTTGAT	1457
Db	1139	TGGCAGCATTTAAATATATCTCCAAAAATATTTTAAAGAAAACTTTATCAGATTTGAT	1198
QY	1458	TTACTCATGAAAAATCTTCATCTTCGAGAGAAATTTATGAATTTGAAGACTAAACAAC	1517
Db	1199	TTACTCATGAAAAATCTTCATCTTCGAGAGAAATTTATGAATTTGAAGACTAAACAAC	1258
QY	1518	CACCTTACAAATATGATGATGCAATTAATCATTAATCTTCACTTCACTCTCTACT-----T	1571
Db	1259	CACCTTACAAATATGATGATGCAATTAATCATTAATCTTCACTTCACTCTCTACT-----T	1318
QY	1572	CTGATCTGGAATCTGGGAGGTGAATTTGGTGGAGCAAGATTTCTGATGGATTTAATG	1631
Db	1319	CTGATCTGGAATCTGGGAGGTGAATTTGGTGGAGCAAGATTTCTGATGGATTTAATG	1378
QY	1632	GAGGTTCATTACTGTATGATTTTCACTTTCCATTTCTGAATCAGAGAACTATTCATG	1691
Db	1379	GAGGTTCATTACTGTATGATTTTCACTTTCCATTTCTGAATCAGAGAACTATTCATG	1438
QY	1692	CCCCCGATATTCATCATTAAGATACCAAGTCAATCTGTTGAGATTTATTAAGAAATG	1751

Db	1439	CCCCGATATTCATCATCTAGTATGATACACAGGTCAATCTGTTCCGAGATTATTAGAAATG	1498
Qy	1752	GTGAGAAACCTTGCTGGTTAGATTGTACTTGTCCTACTGATTTGGGAAATGAAAAATGTTGG	1811
Db	1499	GTGAGAAACCTTGCTGGTTAGATTGTACTTGTCCTACTGATTTGGGAAATGAAAAATGTTGG	1558
Qy	1812	CCAAAGCAATTTGGATTCACTCTTTAACTGCTGAGATATTTGCAATGCAAGAAACTCGTG	1871
Db	1559	CCAAAGCAATTTGGATTCACTCTTTAACTGCTGAGATATTTGCAATGCAAGAAACTCGTG	1618
Qy	1872	AAAAAGTTGAATTAATTTAAAAAGTTATTAATTTGTTGTTCCATCACTTTGAAAGCTGATA	1931
Db	1619	AAAAAGTTGAATTAATTTAAAAAGTTATTAATTTGTTGTTCCATCACTTTGAAAGCTGATA	1678
Qy	1932	AAGAAATCGAAGATTAATTTGAACCGGATAATGTTTATTTGTTGTTCCATCACTGATGCGTA	1991
Db	1679	AAGAAATCGAAGATTAATTTGAACCGGATAATGTTTATTTGTTGTTCCATCACTGATGCGTA	1738
Qy	1992	TATTAACGTTCCATTTTTCACCAATTTCTCATCCAGCAAAATGTTAGAGAAAGATTGCTC	2051
Db	1739	TATTAACGTTCCATTTTTCACCAATTTCTCATCCAGCAAAATGTTAGAGAAAGATTGCTC	1798
Qy	2052	AATTGAGAGATTAATGTCGATGTTAGTGTGCTGATTTGTTATGTTATGCTTTATGATGATAA	2111
Db	1799	AATTGAGAGATTAATGTCGATGTTAGTGTGCTGATTTGTTATGTTATGCTTTATGATGATAA	1858
Qy	2112	TTAACCGATGGTTTTGCCCCCGGTGATTCATGAGAAATGTAATGAAAGCTGATGCCATTGAG	2171
Db	1859	TTAACCGATGGTTTTGCCCCCGGTGATTCATGAGAAATGTAATGAAAGCTGATGCCATTGAG	1918
Qy	2172	ATGCCGTTTTCACTGCTAGAGATACTGATTTTGTAGTAGTATGTTACAAAGAAATTTGGTGAAT	2231
Db	1919	ATGCCGTTTTCACTGCTAGAGATACTGATTTTGTAGTAGTATGTTACAAAGAAATTTGGTGAAT	1978
Qy	2232	CAGAAGAAAAGTCATGATCTTTTAATGAGATTATTAATGAGTAAAGCTGATGCTATTAAAA	2291
Db	1979	CAGAAGAAAAGTCATGATCTTTTAATGAGATTATTAATGAGTAAAGCTGATGCTATTAAAA	2038
Qy	2292	TGTTTGTCTAAAGATGTCAGAGAAAGACTTAATCTTCTTGCGTTATTATCAACGTCAAT	2351
Db	2039	TGTTTGTCTAAAGATGTCAGAGAAAGACTTAATCTTCTTGCGTTATTATCAACGTCAAT	2098
Qy	2352	ATTAACCTTACAACAACAACA-----GGCCCCACACACACACACACTTAATCTTAATTA	2405
Db	2099	ATTAACCTTACAACAACAACAACAAGGCCCCACACACACACACACACTTAATCTTAATTA	2158
Qy	2406	TTTACTTCAACCAATTAATTAATCACTTTGAAATCTTTAATGTTTAGAAACTTCAACGTGTGAG	2465
Db	2159	TTTACTTCAACCAATTAATTAATCACTTTGAAATCTTTAATGTTTAGAAACTTCAACGTGTGAG	2218
Qy	2466	GAGTAGAGATGAGAGAAATTAATTTTGGTCCCAATCCAACTGAAATATATATTAATTAATTA	2525
Db	2219	GAGTAGAGATGAGAGAAATTAATTTTGGTCCCAATCCCACTGAAATATATATTAATTAATTA	2278
Qy	2526	ATACTAATTAATTAATCTGTTCACTTACACACTTCAACAACAACAATATGTTATCACTA	2585
Db	2279	ATACTAATTAATTAATCTGTTCACTTACACACTTCAACAACAACAATATGTTATCACTA	2335
Qy	2586	ACAAATCTTTCCCCCATGCC 2605	
Db	2336	ACAAATCTTTCCCCCATGCC 2355	

RESULT 2
US-09-248-796A-6327
; Sequence 6327, Application US/09248796A
; Patent No. 6747137
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Keith Weinstock et al
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO CANDIDA ALBICANS
; TITLE OF INVENTION: FOR DIAGNOSTICS AND THERAPEUTICS
; FILE REFERENCE: 107196.132

CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/248,796A
 CURRENT FILING DATE: 1999-02-12
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/074,725
 PRIOR FILING DATE: 1998-02-13
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/096,409
 PRIOR FILING DATE: 1998-08-13
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 28208
 SEQ ID NO 6327
 LENGTH: 507
 TYPE: DNA
 ORGANISM: Candida albicans
 US-09-248-796A-6327

Query Match 12.0%; Score 423.8; DB 4; Length 507;
 Best Local Similarity 98.0%; Pred. No. 6,7e-79;
 Matches 440; Conservative 0; Mismatches 7; Indels 2; Gaps 1;

2660 ATATGACCATGTTTCAAAATTTATTTAG--CCTATGAAAAATTTTCAGTCGTCACT 2717
 59 AGACTCACCATGTTTCAAAATTTATTTAGGCTTAAGAAAAATTTTCAGTCGTCACT 118
 2718 CAATATTTAGCTCAATTTACAGTTGATCTTCATTTCCAAATTAATAATCACCAGAA 2777
 119 CAATATTTAGCTCAATTTACAGTTGATCTTCATTTCCAAATTAATAATCACCAGAA 178
 2778 TGTTCCTAAATTAATCTTGTGATGGAGCAATGTTTCAATTAATTTAGTCAAGGAGC 2837
 179 TGTTCCTAAATTAATCTTGTGATGGAGCAATGTTTCAATTAATTTAGTCAAGGAGC 238
 2838 TTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2897
 239 TTTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 298
 2888 GAATGTTGGAGTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAAT 2957
 299 GAATGTTGGAGTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAAT 358
 2958 TGAATAAATGATTAATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAAT 3017
 359 TGAATAAATGATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTAT 418
 3018 ATTATCAAGAGATCAATTTAGAGTTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTAT 3077
 419 ATTATCAAGAGATCAATTTAGAGTTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTAT 478
 3078 TTATTAGTTTCCCAATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAAT 3106
 479 TTATTAGTTTCCCAATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAAT 507

RESULT 3
 US-08-998-416-66/c
 Sequence 66, Application US/08998416
 Patent No. 6239264
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Philippen, Peter
 APPLICANT: Pohlmann, Rainer
 APPLICANT: Steiner, Sabine
 APPLICANT: Mohr, Christine
 APPLICANT: Wendland, Jürgen
 APPLICANT: Knechtle, Philipp
 APPLICANT: Reibischung, Corinne
 TITLE OF INVENTION: GENOMIC DNA SEQUENCES OF ASHBYA GOSYPYII
 TITLE OF INVENTION: AND USES THEREOF
 NUMBER OF SEQUENCES: 1152
 CORRESPONDENCE ADDRESS:
 ADDRESSEE: No. 6239264artis Corporation
 STREET: 3054 Cornwallis Road
 CITY: Research Triangle Park
 STATE: No. 6239264th Carolina
 COUNTRY: USA
 ZIP: 27709
 COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk
 COMPUTER: IBM PC compatible
 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.30
 CURRENT APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: US/08/998,416
 FILING DATE: 24-DEC-1997
 CLASSIFICATION: 435
 PRIOR APPLICATION DATA:
 APPLICATION NUMBER: CH 0016/97
 FILING DATE: 31-DEC-1996
 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
 NAME: Meigs, J. Timothy
 REGISTRATION NUMBER: 38,241
 REFERENCE/DOCKET NUMBER: PF/5-30306/A/CGC1976
 TELECOMMUNICATION INFORMATION:
 TELEPHONE: 919-541-8587
 TELEFAX: 919-541-8689
 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 66:
 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 LENGTH: 537 base pairs
 TYPE: nucleic acid
 STRANDEDNESS: single
 TOPOLOGY: linear
 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
 ORIGINAL SOURCE:
 ORGANISM: PAG1020RP
 US-08-998-416-66

Query Match 4.8%; Score 168.2; DB 3; Length 537;
 Best Local Similarity 67.6%; Pred. No. 1.2e-25;
 Matches 236; Conservative 0; Mismatches 113; Indels 0; Gaps 0;

2610 CACGTCCAGAGCTGATTTTGTGATTTATTTAGTGTATTTCAATCATTAATCAACA 2669
 441 CTCAACCAAGAGCTGATTTTGTGATTTATTTAGTGTATTTCAATCATTAATCAACA 382
 2670 TGTTCCTAAATTAATCTTGTGATGGAGCAATGTTTCAATTAATTTATTAATTTATTAAT 2729
 381 TGTTCCTAAATTAATCTTGTGATGGAGCAATGTTTCAATTTCTCCCGTTCAATGTAATCTT 322
 2730 CTCAATTAAGATGATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAAT 2789
 321 CACATTCGAAGTGAAGCTTCCCGGTGAACAATCGTTAATTAATTTATTAATTTATTAAT 262
 2790 TTACTTTGATTTGGAGCATTTGATTTCAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAAT 2849
 261 TCACATGATTTGAGCAATTTGATTTCTTTGAACTTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 202
 2850 ATGTAAGAGTCCCTGAGTGAAGGTGATCAATTTAGTTGTTTTCGAATTTGTTGAG 2909
 201 ACGTACCTGTCCTGAGTGAAGCAACCGAGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 142
 2910 TATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAATTTATTAAT 2958
 141 TTTTGTGATGATTCGCTGTTGTTCTGTTTCTTCAATGATGAT 93

RESULT 4
 US-09-248-796A-6302
 Sequence 6302, Application US/09248796A
 Patent No. 6747137
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Keith Weinstock et al
 TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO CANDIDA ALBICANS
 TITLE OF INVENTION: FOR DIAGNOSTICS AND THERAPEUTICS
 FILE REFERENCE: 107196.132
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/248,796A
 CURRENT FILING DATE: 1999-02-12
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/074,725
 PRIOR FILING DATE: 1998-02-13
 PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/096,409
 PRIOR FILING DATE: 1998-08-13

```

; NUMBER OF SEQ ID NOS: 28208
; SEQ ID NO 6302
; LENGTH: 2445
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Candida albicans
US-09-248-796A-6302

```

Query Match	3.4%;	Score 118.2;	DB 4	Length 2445;
Best Local Similarity	60.4%;	Pred. No. 5.3e-15;		
Matches 195;	Conservative	0;	Mismatches 128;	Indels 0;
			Gaps	0

QY	2624	GATATGCAATATAATAGGGGATATCAAGATCAATATATCACCATAGTCTCAGAAATTA	2628
Db	2101	GAAATTTGGAAATGATTTTAGGTGAATATACAAATCAATATGTATGATCCATGTTGCAGGCTTG	2166
QY	2684	TTAGCCTATGAAAAAATTTTCAGTGGTTCACATTCAAATTTATAGTCCAAATTAACAGTT	2743
Db	2161	GCCCATATGAAAAAGTTGTATGCGAGATTCCTATTCGATTACTTGCTCCAAATATAATTT	2222
QY	2744	GAATCATTTCAATCCCATATATATAATCAACGAATGTTTTCTAAAAATTACTTTGATGGG	2803
Db	2221	GATATGACCAAAAGTGAAACAGATACCAATATATGTGTAGGGAAATACACATATTTGGT	2286
QY	2804	ACAAATGTTAGTTCATTAATTTTAGTCAAGGAGCTTTTGGATGAATGTAAAGAGTCCT	2863
Db	2281	ACAAATCGTTGCCAATCAATGTGTAACTGGGCTCTGGGGATATACCTGTTTGGTTCT	2344
QY	2864	GGTGAAGGTGTACCAATTTTAGTGTGTTTTCCGAATTTGTTGAGATTAATATTTATA	2923
Db	2341	GGTCAAGATTTATGAAGGCTTAGACCTCGTTTTGGGAAATTTGATGTATGTGCTTTGTT	2400
QY	2924	ATTATTTGATCATTTATATTTTGC	2946
Db	2401	AGTCTGTGCTTACAAATTAATGC	2423

RESULT 5
US-09-248-796A-10622
; Sequence 10622, Application US/09248796A

```

1  APPLICANT: Keith Weinstein et al
2  TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO CANDIDA ALBICANS
3  TITLE OF INVENTION: FOR DIAGNOSTICS AND THERAPEUTICS
4  FILE REFERENCE: 107196.132
5  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/248,796A
6  CURRENT FILING DATE: 1999-02-12
7  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/074,725
8  PRIOR FILING DATE: 1998-02-13
9  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/096,409
10 PRIOR FILING DATE: 1998-08-13
11 NUMBER OF SEQ ID NOS: 28208
12 SEQ ID NO 10622
13 LENGTH: 708
14 TYPE: DNA
15 ORGANISM: Candida albicans
16 US-09-248-796A-10622

```

Query Match	2.1 %	Score 73.4	DB 4	Length 708
Best Local Similarity	52.1 %	Pred. No. 7.2e-06		
Matches 164	Conservative	0	Mismatches 151	Indels 0
			Gaps	0

Oy	1130	GAACTGAAGAAGATGTTTGTTTCCCTNGTCGTGCATCATATTAGAGTTAATGGAAAT	1189
Db	385	GATGATGTACGCGANGTAATAATATTAATATGGTACTGTTAATGMAAGATGATGAT	444
Oy	1190	GATTTTGATGAAATGATGAATTTATTAGAGAAAGAAAGAAAGACTTAATTACAAAA	1244
Db	445	GAAATTGATTGATGATGATTTATTTCCAAAGTAGAATCAGATACCAAAGCAATTAAGCTCA	504
Oy	1250	CAAAATGATGCTAAAATAATTCGCCGATATGATGCAATTTCAAAATCTTTCCAAAATAAT	1308
Db	505	GCAATGATGCTGTGTAATGATACCAACTCGGAATTAATATCATATACAAATTAATGAAATAG	564

[illegible]

RESULT 6
US-08-487-826B-13
; Sequence 13, Application US/08487826B
; Patent No. 5993827

1 APPLICANT: Sim, Kim L.
2 APPLICANT: Chitnis, Chetan
3 APPLICANT: Miller, Louis H.
4 APPLICANT: Peterson, David S.
5 APPLICANT: Su, Xin-zhaun
6 APPLICANT: Wellens, Thomas E.
7 TITLE OF INVENTION: BINDING DOMAINS FROM PLASMODIUM VIVAX
8 TITLE OF INVENTION: AND PLASMODIUM FALCIPARUM ERYTHROCYTE
9 NUMBER OF SEQUENCES: 45
10 CORRESPONDENCE ADDRESS:
11 ADDRESSEE: Knobbe Martens Olason & Bear
12 STREET: 620 Newport Center Drive 16th Floor
13 CITY: Newport Beach
14 STATE: California
15 COUNTRY: US
16
17 ZIP: 92660
18 COMPUTER READABLE FORM:
19 MEDIUM TYPE: Floppy disk
20 COMPUTER: IBM PC compatible
21 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
22 SOFTWARE: PatentIn Release #1.0 Version #1.25

Query Match	2.0%	Score	71.8;	DB	2;	Length	19124;
Best Local Similarity	46.8%	Pred. No.	5.1e-05;				
Matches	290;	Conservative	0;	Mismatches	328;	Indels	2;
						Gaps	2;

Qy	2902	TGTTGGAGTATTATTTAAATTAATATGATCACTTAAATATTCCTCATAGTGGTGA	2966
Db	826	TTTTCATATACAAATTAATATGATTTCTTAAATATTTCTCATTTATTCATTTTATACGA	885
Qy	2962	AAAATTGATTAATTCATATGGAAGCAAAATATATGTAATGACCAATTTTAAATATC	3024
Db	886	TATCATGCACTTATATAATTTTAAATATTAATAAATTTTATTTTAATATATATACAAAT	945

Query Match	2.0%	Score 68.8	DB 4	Length 1141
Best Local Similarity	11.6%	Pred. No. 7.8e-05		
Matches 120	Conservative 356	Mismatches 557	Indels 0	Gaps 0

[illegible]

;; TITLE OF INVENTION: WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
;; FILE REFERENCE: CL001307
;; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
;; CURRENT FILING DATE: 2000-04-14
;; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
;; PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
;; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
;; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
;; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
;; PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
;; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
;; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
;; SEQ ID NO: 12147
;; LENGTH: 767677
;; TYPE: DNA
;; ORGANISM: Human
;; FEATURE:
;; NAME/KEY: misc_feature
;; LOCATION: (1)...(767677)
;; OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-12147

Query Match 1.9%; Score 68; DB 4; Length 767677;

Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.0012; Mismatches 240; Indels 0; Gaps 0;
Matches 212; Conservative 0;

QY 937 AACTAATGATAGTGAAGATATTACTTAATCTAGACCACTGCTAATCATATGAACTTGG 996
DB 343209 AGCCAAAGAAAACAAATATACCTTTCAACACAGAACTTTTGAATGACATCTTTTAA 343268
QY 997 TATTGCTCTACACCCCTTGGTTGGAACTGTACTACCGCACTGCCACTGCCACTGC 1056
DB 343269 AAATGTTATGAGAGTGTGTGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343328
QY 1057 TGCTGCTGTGAAGAACCATCTCGTTCACTATTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1116
DB 343329 TGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343388
QY 1117 AAGATCATCTCAAGAACTGAAGAGATGTTGTTTCTTATGTTGGTATCATATTTAG 1176
DB 343389 TGGTGTGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343448
QY 1177 AGTTAATGGAATTTGTTTGAATGAAATTTTATTAGAGAGAAAGAAAGAAC 1236
DB 343449 TGATATATGAAGACGATGTGTGTGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343508
QY 1237 TTATTACAAAACAAATGATGCTAAATATTCGGGTATGATGATGATGATGATGATGATG 1296
DB 343509 TGATGATTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343568
QY 1297 TTCCAAAATATATCTACTAGTGTGATCTGTCATCATATCATATCATATCATATTA 1356
DB 343569 TCATTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343628
QY 1357 TAATTAATAAATAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1388
DB 343629 TGATGATAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343660

RESULT 9
US-09-949-016-17361
; Sequence 17361, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
; FILE REFERENCE: CL001307
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768

;; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
;; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
;; PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
;; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
;; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
;; SEQ ID NO: 17361
;; LENGTH: 767677
;; TYPE: DNA
;; ORGANISM: Human
;; FEATURE:
;; NAME/KEY: misc_feature
;; LOCATION: (1)...(767677)
;; OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-17361

Query Match 1.9%; Score 68; DB 4; Length 767677;

Best Local Similarity 46.9%; Pred. No. 0.0012; Mismatches 240; Indels 0; Gaps 0;
Matches 212; Conservative 0;

QY 937 AACTAATGATAGTGAAGATATTACTTAATCTAGACCACTGCTAATCATATGAACTTGG 996
DB 343209 AGCCAAAGAAAACAAATATACCTTTCAACACAGAACTTTTGAATGACATCTTTTAA 343268
QY 997 TATTGCTCTACACCCCTTGGTTGGAACTGTACTACCGCACTGCCACTGCCACTGC 1056
DB 343269 AAATGTTATGAGAGTGTGTGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343328
QY 1057 TGCTGCTGTGAAGAACCATCTCGTTCACTATTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1116
DB 343329 TGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343388
QY 1117 AAGATCATCTCAAGAACTGAAGAGATGTTGTTTCTTATGTTGGTATCATATTTAG 1176
DB 343389 TGGTGTGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343448
QY 1177 AGTTAATGGAATTTGTTTGAATGAAATTTTATTAGAGAGAAAGAAAGAAC 1236
DB 343449 TGATATATGAAGACGATGTGTGTGATGAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343508
QY 1237 TTATTACAAAACAAATGATGCTAAATATTCGGGTATGATGATGATGATGATGATGATG 1296
DB 343509 TGATGATTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343568
QY 1297 TTCCAAAATATATCTACTAGTGTGATCTGTCATCATATCATATCATATCATATTA 1356
DB 343569 TCATTAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343628
QY 1357 TAATTAATAAATAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1388
DB 343629 TGATGATAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 343660

RESULT 10
US-09-949-016-16284/C
; Sequence 16284, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
; FILE REFERENCE: CL001307
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO: 16284
; LENGTH: 29717

```

; TYPE: DNA
; ORGANISM: Human
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (1)....(29717)
; OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-16284

```

```

Query Match      1.9%; Score 67.6; DB 4; Length 29717;
Best Local Similarity 47.2%; Pred. No. 0.00044;
Matches 266; Conservative 0; Mismatches 295; Indels 2; Gaps 2;

```

```

QY 2960 AAAAAATGAAATTAATTCATTGAGACCAAAATTAATGTAATCGACCAATTTTAAATCAT 3019
DB 15962 AAGAACTTAATTTTATAGTAATAAATATCATGTGTAGCAAAATTCATTAATA 15903
QY 3020 TCATCAAGAGATCAATTGAAAGTTAGTTAAAAAATCATGTGTATTAATCAAT 3079
DB 15902 TAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 15843
QY 3080 ATTAGTTCCCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3139
DB 15842 TGTAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 15783
QY 3140 TTTGTTTTTTTTTTTTTTTATGTCATGAGTTGTATATACATATACCTTTTATAGAA 3199
DB 15782 AATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 15724
QY 3200 GTAAATATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3259
DB 15723 ATAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGT 15664
QY 3260 GATATCTACTCTCTGATTTAGGAAAGTTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3319
DB 15663 AATA-TATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 15605
QY 3320 TTTACGAGTTGTTAAATTTGAGAGTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3379
DB 15604 AATATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 15545
QY 3380 AAGAAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3439
DB 15544 TATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 15485
QY 3440 GATATATATCGCATTTGTTGTAATTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3499
DB 15484 AATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 15425
QY 3500 TTATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3522
DB 15424 TAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 15402

```

```

RESULT 11
US-09-949-016-12423/c
; Sequence 12423, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; TITLE OF INVENTION: WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
; FILE REFERENCE: C1001307
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
; CURRENT FILING DATE: 2000-04-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 12423

```

```

; LENGTH: 60376
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Human
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (1)....(60376)
; OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-12423

```

```

Query Match      1.9%; Score 67.6; DB 4; Length 60376;
Best Local Similarity 47.2%; Pred. No. 0.00057;
Matches 266; Conservative 0; Mismatches 295; Indels 2; Gaps 2;

```

```

QY 2960 AAAAAATGAAATTAATTCATTGAGACCAAAATTAATGTAATCGACCAATTTTAAATCAT 3019
DB 48001 AAGAACTTAATTTTATAGTAATAAATATCATGTGTAGCAAAATTCATTAATA 47942
QY 3020 TCATCAAGAGATCAATTGAAAGTTAGTTAAAAAATCATGTGTATTAATCAAT 3079
DB 47941 TAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 47882
QY 3080 ATTAGTTCCCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3139
DB 47881 TGTAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 47822
QY 3140 TTTGTTTTTTTTTTTTTTTATGTCATGAGTTGTATATACATATACCTTTTATAGAA 3199
DB 47821 AATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 47763
QY 3200 GTAAATATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3259
DB 47762 ATAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATGT 47703
QY 3260 GATATCTACTCTCTGATTTAGGAAAGTTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3319
DB 47702 AATA-TATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 47644
QY 3320 TTTACGAGTTGTTAAATTTGAGAGTCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3379
DB 47643 AATATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 47584
QY 3380 AAGAAATTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3439
DB 47583 TATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 47524
QY 3440 GATATATATCGCATTTGTTGTAATTTTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3499
DB 47523 AATATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 47464
QY 3500 TTATATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3522
DB 47463 TAAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 47441

```

```

RESULT 12
US-09-601-198-56/c
; Sequence 56, Application US/09601198
; Patent No. 6531583
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Casseil, Gail H.
; APPLICANT: Chen, Eileen Y.
; APPLICANT: Glaes, Jennifer S.
; APPLICANT: Heiner, Cheryl R.
; APPLICANT: Lefkowitz, Elliot
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID PROBES AND METHOD FOR DETECTING UREA PLASMA
; TITLE OF INVENTION: UREA PLASMA
; FILE REFERENCE: UAB-13452/22
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/601,198
; CURRENT FILING DATE: 2000-12-08
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/073,189
; PRIOR FILING DATE: 1998-01-30
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 181

```


D	b		18703	A T T A T A T A T A T A T A T A T A T A T A T T A T A T A C T T A T A T A T A T A T T A A T A T A T A T A A A	18762
O	y		3095	A A A T A G A A T P A G A T A T A C A A A G A A A T G C A C A G C T T G A N G I T T G T T T T T T T T T	3154
D	b		18763	A T A T A T A A T T P A A R A T A T A T A T A T T A A T T A T A T A T A T T A T A T A T A T T A A T A T T A T	18822
O	y		3155	T T T A T T G C A T G A T G A G C T T G A T A T A C A T A T T A C T T T T T A T A G A A G T A C A N T A G I A A T	3214
D	b		18823	T A T A T T C A T T A T T A T T A T A T A T A A T T A A T T A T A C A T A T A A T T A A T T A A T T A A T T A T	18882
O	y		3215	G A T A A T A G T A G T C A T C A T C A T A T T T A T A A T T G T A T A T A A T C G A T A C T A A C T T C T T	3274
D	b		18883	A T A A T A A A T A T A T T A A A T A T T A T T A T T A T T A T T A A T T A A T A A T T A A T T A T T A A T T T	18942
O	y		3275	C T T G A T T T A G G A A A G A G T A T A T T A T T A C T A T A A C A T T A T T T T A C A G A G T T G G T T	3334
D	b		18943	A A T A A T T T T A A T P A A T T A A T A T A T A T A T A T T A C A T T A T T A A T T A A T T A A T A T T T A T A	19002
O	y		3335	A A A T T G A G A G T C A A A T T A A T A G A T G T A A A A G A A G T T T T A A A G A A G S A T A A A G A A T	3394
D	b		19003	T A T T A T T A T A T T A A A T A T T A T T A T A T A T A T A G A A T G T G T A T A T G A A A A T T A C A A G C A A	19062
O	y		3395	A T T A T A A T T C A G A N T C A T A C A G A 3419	
D	b		19063	A G T A T T T C T A C A G T C A A A A C A A A 19087	

```

RESULT 14
US-09-843-376-10/c
; Sequence 10, Application US/09843376
; Patent No. 656132
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: C. Frank Bennett
; APPLICANT: Andrew T. Walt
; TITLE OF INVENTION: ANTISENSE MODULATION OF INTERFERON GAMMA RECEPTOR 1 EXPRESSION
; FILE REFERENCE: RTS-0234
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/843.376
; CURRENT FILING DATE: 2001-04-26
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 88
; SEQ ID NO 10
; LENGTH: 26000
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Homo sapiens
; FEATURE:
; US-09-843-376-10

```

Query Match	1.9%	Score 66;	DB 4;	Length 26000;
Best Local Similarity	48.0%;	Pred. No. 0.00091;		
Matches 225; Conservative	0;	Mismatches 236;	Indels 8;	Gaps 1;

Oy 3055 AAAACATGGTGTAAATAAATCAATTATAGTTCCCAATAAATNTGAAATAGAAATATC 3114
 Db 24147 AATCTAATATATACTAATATAACTCCCTTTATATATATATATATATGAAAATATTAATTA 24088
 Oy 3115 AAGAAATGCCACAGAGTTGATGGTTTGTTTTTTTTTTTTTTATGTCAGATGAGTT 3174
 Db 24087 AAT 24028
 Oy 3175 GTATATACATATCTTTTATATAGAAATACAAATGTAAATGATATATAGTCAATC 3234
 Db 24027 ATTATATAAATATATATATATATATTAACAATAATATATATATATATATATATTAAC 23968
 Oy 3235 ATCATATTTAAATATGTAT 3294
 Db 23967 AATATATTTAT 23908
 Oy 3295 ATATATTTACTATATAAATTTATTTTACAGATGTGTGTTAAATGTGAGATCAATTTAA 3354
 Db 23907 AATAATATTTAT 23856
 Oy 3355 TAGCATGTAAAGAACTTTTAAAGAGAAATTAAGAAATTTATATATTCAGANGTTCAT 3414

[illegible]

```

RESULT 15
US-09-949-016-15851/c
; Sequence 15851, Application US/09949016
; Patent No. 681239
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
; TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
; TITLE OF INVENTION: WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
; FILE REFERENCE: CLO01307
; CURRENT FILING DATE: 2000-04-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
; PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 15851
; LENGTH: 205044
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Human
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: (1) ..(205044)
; OTHER INFORMATION: n = A,T,C or G
US-09-949-016-15851

```

Query Match	1.9%;	Score 65.8;	DB 4;	Length 205044;
Best Local Similarity	44.3%;	Pred. No. 0.0021;		
Matches 312;	Conservative	0;	Mismatches 392;	Indels 1;
			Gaps	1;

Qy	2631	CATATATTTAGGTGATGATTCAGATCATATATATCAGAGTTGCAATTTATAGCCT	2690
Db	201143	CATTAAATATATTCAAATATATATATTTATATATTTAAATAATATATATATATTTTAT	201088
Qy	2691	ATGAAAAAATTTTCAGTCGTCACATTCAAATATATTAGTCAATTGACAGTTGAATCAT	2750
Db	201083	ATATTTATATTTTAAATAATATATATTTTATATATTTTATATATTTTAAATAATATATATTTT	201028
Qy	2751	TCATTCGATATATATTAATAATCAGGAATGTTTCTAAATTTACTTGATGGGACAATGT	2810
Db	201023	ATATATTTATATTTTAAATAATATATATTTTATATATTTATATATTTTAAATAATATATATTT	200968
Qy	2811	TAGTTCATTAATTTAGTACAGGAGCTTTTGGTANGATGTATGAGTCCCTGGTGAAG	2870
Db	200963	TTATATATTTATATTTTAAATAATATATATTTTATATATTTTATATTTTAAATAATATATATTT	200928
Qy	2871	GGGTACCAATTTAGGTGGTGGTTTTCGGAATTTGGAGATATTAATTTATATATATG	2930
Db	200903	TTTATATATTTTATATTTTAAATAATATATATTTTATATATTTTATATTTTAAATAATATATTT	200828
Qy	2931	GATCATTTATATTTGGTCATAGTGGTGTGAAAAATGATATATTCATTTGAAGGACAA	2990
Db	200843	ATTTTATATATTTTATATTTTAAATAATATATATTTTATATATTTTATATTTTAAATAATATTT	200788
Qy	2991	ATTAATGTAAATGACCAATTTTAAATCATTCATCAGAAATCATTTGAAGTTAGGTT	3050
Db	200783	ATTAATATATTTTATATATTTTATATTTTAAATAATATATATTTTATATATTTTATATTTTAA	200728
Qy	3051	TAAAAAATCATGTGGTGAATTAATTCATTTATTTAGTTTCCCAATATATATGAAATGAAGAT	3110

[illegible]

Search completed: April 14, 2005, 19:04:51
Job time : 571 secs